

日本国特許庁
PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

10/030306
PCT/JP00/0594 #2

16.06.00

04

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日
Date of Application:

1999年 7月 8日

出願番号
Application Number:

平成11年特許願第194359号

出願人
Applicant(s):

財団法人相模中央化学研究所
株式会社プロテジーン

PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

2000年 7月21日

特許庁長官
Commissioner,
Patent Office

及川耕造



出証番号 出証特2000-3057447

【書類名】 特許願
 【整理番号】 S018208
 【提出日】 平成11年 7月 8日
 【あて先】 特許庁長官殿
 【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松 3 - 4 6 - 5 0

【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県川崎市多摩区西生田 4 - 1 - 2 8 - 3 0 2

【氏名】 木村 知子

【特許出願人】

【代表出願人】

【識別番号】 000173762

【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼 4 丁目 4 番 1 号

【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

【代表者】 寺島 孜郎

【電話番号】 042(742)4791

【特許出願人】

【識別番号】 596134998

【住所又は居所】 東京都目黒区中町 2 丁目 2 0 番 3 号

【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

【代表者】 棚井 丈雄

【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 011501

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを持つヒト蛋白質とそれをコードする DNA

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号 1 から配列番号 1 0 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項 2】 請求項 1 記載の蛋白質のいずれかをコードする DNA。

【請求項 3】 配列番号 1 1 から配列番号 2 0 で表される塩基配列のいずれかを含む c DNA。

【請求項 4】 配列番号 2 1 から配列番号 3 0 で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項 3 記載の c DNA。

【請求項 5】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項 6】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA を発現し、請求項 1 記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【請求項 7】 請求項 1 記載の蛋白質に対する抗体。

【発明の詳細な説明】

【0 0 0 1】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている DNA、この DNA の発現ベクター、この DNA を発現させた真核細胞、およびこの蛋白質に対する抗体に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒト c DNA は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、この c DNA がコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。本発明の抗体は、本発明の蛋白質の検出、定量、精製などに利用できる。

【0 0 0 2】

【従来の技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャンネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャンネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法では機能のわかった蛋白質の遺伝子しかクローン化できない。

【0005】

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメインを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとして働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長 cDNA の全塩基配列を決定してやり、その cDNA がコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、その cDNA は分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、この DNA の発現ベクター、この DNA を発現しうる形質転換真核細胞、およびこの蛋白質に対する抗体を提供することである。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長 cDNA バンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードする cDNA をクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA、並びにこの DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、この DNA を発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞、およびこの蛋白質に対する抗体を提供する。

【0008】

【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードする DNA を用いて組換え DNA 技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換え DNA 技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明の cDNA を有するベクターからインビトロ転写に

よってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベクターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。また、反応系にイヌ臍臓ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現システム、pGEX発現システムなどが例示できる。

【0011】

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リボソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせで行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型

となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0014】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0015】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170 (1982)]、Gubler-Hoffman法[Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269 (1983)]などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから本発明のcDNAをクローン化するには、本発明のcDNAの任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、本発明のcDNA断片を調製することもできる。

【0016】

本発明のcDNAは、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列ある

いは配列番号 21 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号（HP 番号）、cDNA クローンが得られた細胞、cDNA の全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表 1 にまとめて示した。

表 1

配列番号	HP 番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP03394	臍帯血	2007	339
2、12、22	HP03395	胸腺	2264	487
3、13、23	HP10685	臍帯血	1907	262
4、14、24	HP10686	PMA-U937	1727	166
5、15、25	HP10689	臍帯血	2150	416
6、16、26	HP10690	臍帯血	1986	117
7、17、27	HP10694	臍帯血	2170	324
8、18、28	HP10696	臍帯血	1738	137
9、19、29	HP10697	胸腺	1930	311
10、20、30	HP10699	臍帯血	1892	543

なお、配列番号 11 から配列番号 30 のいずれかに記載の cDNA の塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製した cDNA ライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明の cDNA と同一のクローンを容易に得ることができる。

【0017】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号 1 から配列番号 30 において、1 又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされている cDNA も本発明の範疇にはいる。

【0018】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0019】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0020】

本発明の抗体は、本発明の蛋白質を抗原として用いて動物を免疫した後、血清から得ることができる。抗原としては本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成したペプチドや、真核細胞や原核細胞で発現させた蛋白質を用いることができる。あるいは、上記の真核細胞用発現ベクターを注射や遺伝子銃によって、動物の筋肉や皮膚に導入した後、血清を採取することによって作製することができる[特開平7-313187]。動物としては、マウス、ラット、ウサギ、ヤギ、ニワトリなどが用いられる。免疫した動物の脾臓から採取したB細胞をミエローマと融合させてハイブリドーマを作製してやれば、本発明の蛋白質に対するモノクローナル抗体を産生することができる。

【0021】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用いた。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 15

0:243-250 (1994)] に従った。

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしている cDNA の選別

cDNA ライブラリーとして、ホルボールエステルで刺激した組織球リンホーマ細胞株 U937 (ATCC CRL 1593) mRNA、ヒト胸腺 mRNA (Clontech 社製)、ヒト臍帯血 mRNA から作製した cDNA ライブラリーを用いた。

【0022】

個々のライブラリーから完全長 cDNA クローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長 cDNA クローンからなるホモ・プロテイン cDNA バンクを構築した。ホモ・プロテイン cDNA バンクに登録された完全長 cDNA クローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittle の方法 [Kyte, J & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157:105-132 (1982)] により、疎水性／親水性プロフィールを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

(2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明の cDNA を有するプラスミドベクターを用いて、T_NT ウサギ網状赤血球溶解物キット (プロメガ社製) によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 [³⁵S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド 2 μg を、T_NT ウサギ網状赤血球溶解物 12.5 μl、緩衝液 (キットに付属) 0.5 μl、アミノ酸混合液 (メチオニンを含まない) 2 μl、[³⁵S] メチオニン (アマーシャム社) 2 μl (0.37 MBq / μl)、T7 RNA ポリメラーゼ 0.5 μl、RNasin 20 U を含む総量 25 μl の反応液中で 30℃ で 90 分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ脾臓ミクロソーム画分 (プロメガ) 2.5 μl を添加して行なった。反応液 3 μl に SDS サンプリングバッファー (125 mM トリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM 2-メルカプトエタノール、2% SDS 溶液、0.025% ブロモフェノール

ブルー、20%グリセロール) 2 μ l を加え、95℃ 3 分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

(3) COS 7 による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を 100 μ g/ml アンピシリン含有 2xYT 培地 2 ml 中で 37℃ 2 時間培養した後、ヘルパーファージ M13 KO7 (50 μ l) を添加し、37℃ で一晚培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを 100 μ l の 1 mM トリス-0.1 mM EDTA、pH 8 (TE) に懸濁した。

【0023】

サル腎臓由来培養細胞 COS 7 は、10% ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5% CO₂ 存在下、37℃ で培養した。1 \times 10⁵ 個の COS 7 細胞を 6 穴プレート (ヌンク社、穴の直径 3 cm) に植え、5% CO₂ 存在下、37℃ で 22 時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに 50 mM トリス塩酸 (pH 7.5) を含む DMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液 1 μ l、DMEM 培地 0.6 ml、TRANSFECTAMTM (IBF 社) 3 μ l を懸濁したものを添加し、5% CO₂ 存在下、37℃ で 3 時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEM で細胞表面を洗浄し、10% ウシ胎児血清含有 DMEM を 1 穴あたり 2 ml 加え、5% CO₂ 存在下、37℃ にて 2 日間培養した。培地を [³⁵S] システインあるいは [³⁵S] メチオニンを含む培地に交換した後、1 時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地画分と細胞膜画分の蛋白質を SDS-PAGE にかけた。

(4) 抗体の作製

本発明の cDNA を有するプラスミドベクターを 2 μ g/ μ l になるようリン酸緩衝液 (PBS: 145 mM NaCl、2.68 mM KCl、8.09 mM Na₂HPO₄、2 mM KH₂PO₄、pH 7.2) に溶解した。マウス (ICR 系統) 3 匹の左右の大腿四頭筋に、先に調製したプラスミドの PBS 溶液 25 μ l づ

つ計 $50 \mu\text{l}$ を 26 ゲージの注射針を用いて注射した。同様の注射を一週間おきに 1 か月間続けた後、採血を行なった。採血した血液は 4°C で一晩保存し、血液を凝固させた後、 $8,000 \times g$ で 5 分間遠心し、上澄をとった。この上澄に NaN_3 を 0.01% になるように添加し、 4°C で保存した。抗体の産生は、該当するベクターを導入した COS7 細胞の免疫染色や、細胞ライセートあるいは分泌産物を用いたウェスタンブロッティングにより確認した。

(5) クローン例

<HP03394> (配列番号 1、11、21)

ヒト臍帯血 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP03394 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、45bp の 5' 非翻訳領域、1020bp の ORF、942bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 339 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N 末端に推定分泌シグナルが、C 末端側に一個の推定膜貫通ドメインが存在した。図 1 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 36,856 よりやや大きい 42kDa の翻訳産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である (−3、−1) 規則を適用すると、成熟蛋白質は 21 番目のグルタミンから始まると予想される。

【 0 0 2 4 】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト単球阻害レセプター（アクセション番号A A B 6 8 6 6 5）と類似性を有していた。表2に、本発明のヒト蛋白質（H P）とヒト単球阻害レセプター（M I）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側236アミノ酸残基において、46.2%の相同性を有していた。

表 2

HP MSPSPTALFCLGLCLG-RVPAQSGPLPKPSLQALPSSLVPLEKPVTLRCQGPPGVDLYRL

* * * * *

MI MIPTFTALLCLGLSLGPRTHMQAGPLPKPTLWAEPGSVISWGN SVTIWCQGTLEAREYRL
HP EK-LSSSR YQDQAVL-----F-IPAMKRSLAGRYRCSYQNGSLWSLPSDQLELVATGV

```

. *      * . . . . * . *      * ** * . *      * * * * * * * * * * * *      ** * * * * * * * * * * * *

```

MI DKEESPAPWDRQNPLEPKNKARFSIPSMTEDYAGRYRCYYRSPVGSQPSDPLELVM TGA
HP FAKPSLSAQPGPAVSSGGDVTLCQCTRYGFDQFALYKEGDPAPYKN--PER---WYRAS F

. . ** . * * . * * . ** . *** ** . * . * * * ** . . * . . * . . . * . ***

MI YSKPTLSALPSPLVTSGKSVTL LCQSRSPMDTFLLIKERAAHPLLHLRSEHGAQQHQAEF
HP PIITVTAAHSGTYRCYSFSSRD PYLWSAPSDPLELVVTGTSVTPSRLPTEPPSSVAEFSE

* . . ** . . * . ***** . * . . . ** * ***** . * . * . . * . . ** . * . . *

MI PMSPVTSVHGGTYRCFSSHGFSHYLLSHPSDPLELIVSGSLEGPRPSPTRSVSTAAGPED
HP ATAELTVSFTNEVFTTETSR SITASPKESDSPAGPARQYYTKGNLVRICLGAVILII LAG

MI QPLMPTGSPVPHSGLRRHWEVLIGVLVVSILLLSLLLFLLLQHWRQGKHRTLAQRQADFQR
HP FLAEDWHSRRKRLRHRGRAVQRPLPPLPPLPLTRKSHGGQDGGQRQDVHSRGLCS

MI PPGAAEPEPKDGGGLQRRSSPAADVQGENFCAAVKNTQPEDGVEMDTRQSPHDEDPQAVTY

また、本 cDNA の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、E S T の中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 A A 3 0 8 7 0 8）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

<HP03395> (配列番号 2、12、22)

ヒト胸腺 cDNA ライブラリーから得られたクローン H P 0 3 3 9 5 の c D N A インサートの全塩基配列を決定したところ、84 b p の 5' 非翻訳領域、1464 b p の O R F、716 b p の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。O R F は 487 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、少なくとも 6 個の推定膜貫通ドメインが存在した。図 2 に K y t e - D o o l i t t l e の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0025】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、本蛋白質は、N末端がヒト推定蛋白質C3f（アクセシオン番号AAC36007）より106アミノ酸残基長かった。

【0026】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA182534）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

<HP10685>（配列番号3、13、23）

ヒト臍帯血cDNAライブラリーから得られたクローンHP10685のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、34bpの5'非翻訳領域、789bpのORF、1084bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは262アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが、C末端側に一個の推定膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量27,330とほぼ同じ27kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、29kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が1箇所（182番目Asn-Thr-Ser）存在する。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は28番目のセリンから始まると予想される。

【0027】

本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA448745）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

<HP10686>（配列番号4、14、24）

ヒトリンホーマ細胞株U937cDNAライブラリーから得られたクローンH

P10686のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、19bpの5'非翻訳領域、501bpのORF、1207bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは166アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、3個の推定膜貫通ドメインが存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。

【0028】

本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AI275139）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

<HP10689> (配列番号5、15、25)

ヒト臍帯血cDNAライブラリーから得られたクローンHP10689のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、31bpの5'非翻訳領域、1251bpのORF、868bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは416アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量46,451よりやや小さい44kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、48kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が2箇所（160番目Asn-Gly-Thr、196番目Asn-Met-Ser）存在する。

【0029】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、シロイナズナ推定ストリクトシジンシンターゼ（アクセション番号AAC27642）と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質（HP）とシロイナズナ推定ストリクトシジンシンターゼ（AT）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側を除く全領域において、37.4

%の相同性を有していた。

表 3

HP MSEADGLRQRRPLRPQVVTDDDGQAPEAKDGSSFSGRVFRVTFLMLAVSLTVPLLGA MML

AT

MMKLLLVVAT

HP LESPIDPQPLSFKEPPLLLGVLHPNTKLRQAERLFENQLVGPES--IAHIGDVMFTGTAD

.**** .. ** ** *

AT SVALIFSVDLSGEGPKHGGESMLTVQIPDFRLIPTTGALGPESFVFDFFGDGPYTG LSD

HP GRVVK-LENGEI-----ETIARFG-SGCKTRDDEPVCGRPLGIR-AGPNGTLFVADAY

.*. *.*.. . * * * . * * . . *.***. . . *.*..*****

AT GRIVKWLANESRWIDFAVTTSA REGCEGPHEHQRT EHVCGRPLGLAFDKSTGDLYIADAY

HP KGLFEVNPWKREVKLLLSSETPIEGKNMSFVNDLTVTQDGRKIYFTDSSSKWQRRDYLL

.**..*.* .. *.*.**.*.*..... . ***** .***.*.

AT MGLLKVGPTGGVANQVLPRE---LNEALRFTNSLDINPRTGVVYFTDSSSVYQRRNYIGA

HP VMEGTDDGRLL EYDVTREVKVLLDQLRFPNGVQLSPAEDFVLVAETTMARIRR----V

.*.*...***.***. *..*..***.* * ***.***...*..***.***.* ** * .

AT MMSGDKTGRLMKYDN-TKQVTTLLSNLAFVNGVALSQNGDYLLVVETAMCRILRYWLN ET

HP YVSGLMKGGADLFVENMPGFDPNIRPSSSGGYWGMSTIRPNPGFSMLDFLSERPWI KRM

..*..*****..*..**.****.* .. * ..*..* *

AT SVKSQSHDNYEIFAELPGFDPNIRKSPRGGFVWGLNT----KHSKLTKFAMSN AWLGRA

HP IFKLFSQ-ETVMKFVPRY---SLVLELS-DSGAFRRSLHDPDGLVATYISEVHEHDGHLY

. * . * . ** ** ***.. ****.*.*.*.

AT ALGLPVDWMKVHVS V WARYNGM VRLSEDSGVILEVFEGKNENKWISISEVEEKDGT LW

HP LGSFRSPFLCRLSLQAV

.** ..**

AT VGSVNTPFAGMYKI

また、本 cDNA の塩基配列を用いて Gen Bank を検索したところ、ES

Tの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号A1750995）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

<HP10690>（配列番号6、16、26）

ヒト臍帯血cDNAライブラリーから得られたクローンHP10690のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、27bpの5'非翻訳領域、354bpのORF、1605bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは117アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の推定分泌シグナルが存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量12,647よりやや大きい15kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、14kDaの産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は23番目のアスパラギン酸から始まると予想される。

【0030】

本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA215334）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

<HP10694>（配列番号7、17、27）

ヒト臍帯血cDNAライブラリーから得られたクローンHP10694のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、240bpの5'非翻訳領域、975bpのORF、955bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは324アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、少なくとも7箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図7にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0031】

本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中

に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号A1245647）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

<HP10696>（配列番号8、18、28）

ヒト臍帯血DNAライブラリーから得られたクローンHP10696のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、94bpの5' 非翻訳領域、414bpのORF、1230bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは137アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に一箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量14,492よりやや大きい20kDaの翻訳産物が生成した。

【0032】

本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号D31289）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

<HP10697>（配列番号9、19、29）

ヒト胸腺cDNAライブラリーから得られたクローンHP10697のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、81bpの5' 非翻訳領域、936bpのORF、913bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは311アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが、内部に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量33,901よりやや大きい37kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、51kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が6箇所（49番目Asn-Val-Thr、91番目Asn-Leu-Thr、108番目Asn-Thr-Se

r、128番目Asn-Phe-Ser、135番目Asn-Leu-Thr、190番目Asn-Ile-Thr) 存在する。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3、-1)規則を適用すると、成熟蛋白質は33番目のフェニルアラニンから始まると予想される。

【0033】

本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号W46202)が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

<HP10699> (配列番号10、20、30)

ヒト臍帯血cDNAライブラリーから得られたクローンHP10699のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、4bpの5'非翻訳領域、1632bpのORF、256bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは543アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、少なくとも6個の推定膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0034】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質C15H9.5 (アクセション番号AAB52667)と類似性を有していた。表10に、本発明のヒト蛋白質(HP)と線虫仮想蛋白質C15H9.5(CE)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端とC末端を除く461アミノ酸残基において、33.8%の相同性を有していた。

表4

HP MAVSERRGLGRGSPAEWGQRLLLVLLLGCGSGRIHRLALTGEKRADIQLNSFGFYTNGSL

CE MIGNGNVIQADSRNIIISDFSYGNGTSLIAINNFTVPEKIKDSVDSTENADKL
HP EVELSVLRLGLREAEKSLLVGFSLSRVRSGRVRSTRDFQDCPLQKNSSSFLVLFLIN

..***** . * . * * . * * . . .

CE VSTTICPQVLTCTYRFLQGVIQVLSL-LGSSITRGVGSNP-HVCQLQQTDAQYDAIFFFA
HP TKDLQVQVRKYGEQKTLFI-FPGLLPEAPSKPGL--PKPQATVPRKVDGGGSAAS-KPK

. . * . * . . . * . * . * . . . * . . . * . . .

CE DLP-NKQLRVYRSGIGRYIQCIGTAHECQNTDAIRTPKPEELQPESSSGPVEQRGWFRNL
HP STPAVIQGPSGKDKDLVLGLSHLNNFSFHVIGSQAE-EGQYSLNFHNC-NNSVPG-

. . . * . . . * . * . . . * . * . . . * . * . . . * . * . . . *

CE FGRFLNPGAPQIAYDNYIPL-QVQENQFSTNMSIRFDGKIVGQYVFMFHNCCYNRAHGY
HP -KEHPFDITVMIREKNPDGFLSAAEMPLFKLYMVSACFLAAGIFWVSILCR-NTYSVFK

. . * . * . * . * . . * . * . . . * . * . . . * . * . . . *

CE SDRVAVDLTVDLVERNKHSLQEIAPKEIYLYMSILYFGLAVYWSHLLCRSSENIR
HP IHWLMAALAFKTSISLLFHSINYYFINSQGHPIEGLAVMYIIAHLKGLLFFITIALIGS

* . * . * . * . * . . * . * . . . * . * . . . * . * . . . *

CE VHKFMAVLVFLKALSVFFHGLNYYFLSKYGMQKEIWAVLYYITHLLKGLLFGTLILIGT
HP GWAFIKYVLSDEKKEKVGIVIPMQVLAVAYIIIESREEGASDYVLWKEILFLVDLICCG

* . * . * . * . * . . * . * . . . * . * . . . * . * . . . *

CE GYTFIKQFLTRDRKVFVFLPIQVIDNIIILNESEIGTQNHETWLKFLVILDLFCCA
HP AILFPVWSIRHLQDASGTDGKAVNLAKLKLFRHYVMVICYVYFTRIIA-ILLQVAV-

. * . * . * . * . . . * . * . . . * . * . . . * . * . . . *

CE LVAFPVWSIQHLVEGATTDGKAAANLEKRLRFRQFYILVVVYIYCTRFFGFILLPAPVG
HP -----PFQWQWLYQLLVEGSTLAFFVLTGYKFQPTGNNPYLQLPQE

* . * . * . * . * . . * . * . . . * . * . . . * . * . . . *

CE KVLKPHFCGAKIPNITHLMPVNLQWTIVAAVEMVTFAFFIIVGYKFRPANSHNYLLNSD
HP DEEDVQMEQVMTDSGFREGLSKVNKTASGRELL

CE FDSYDVETSPKEDRKDKENNEQEIDEQFLTKAYSDANVSRRLVSESSNNQTDYPHQKLL

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 R11941）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0035】

【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現させた真核細胞を提供する。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関わる制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明の DNA は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、この DNA を用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。本発明の抗体は、本発明の蛋白質の検出、定量、精製などに利用できる。

【0036】

【配列表】

<110> Sagami Chemical Research Center,

Protegene Inc.

<120> Human proteins having hydrophobic domains and DNAs encoding these proteins

<130> S018208

<160> 30

【0037】

<210> 1

<211> 339

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 1

Met Ser Pro Ser Pro Thr Ala Leu Phe Cys Leu Gly Leu Cys Leu Gly

1 5 10 15

Arg Val Pro Ala Gln Ser Gly Pro Leu Pro Lys Pro Ser Leu Gln Ala

20 25 30

Leu Pro Ser Ser Leu Val Pro Leu Glu Lys Pro Val Thr Leu Arg Cys

35 40 45

Gln Gly Pro Pro Gly Val Asp Leu Tyr Arg Leu Glu Lys Leu Ser Ser

50 55 60

Ser Arg Tyr Gln Asp Gln Ala Val Leu Phe Ile Pro Ala Met Lys Arg

65 70 75 80

Ser Leu Ala Gly Arg Tyr Arg Cys Ser Tyr Gln Asn Gly Ser Leu Trp

85 90 95

Ser Leu Pro Ser Asp Gln Leu Glu Leu Val Ala Thr Gly Val Phe Ala

100 105 110

Lys Pro Ser Leu Ser Ala Gln Pro Gly Pro Ala Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125

Asp Val Thr Leu Gln Cys Gln Thr Arg Tyr Gly Phe Asp Gln Phe Ala

130 135 140

Leu Tyr Lys Glu Gly Asp Pro Ala Pro Tyr Lys Asn Pro Glu Arg Trp

145 150 155 160

Tyr Arg Ala Ser Phe Pro Ile Ile Thr Val Thr Ala Ala His Ser Gly

165 170 175

Thr Tyr Arg Cys Tyr Ser Phe Ser Ser Arg Asp Pro Tyr Leu Trp Ser

180 185 190

Ala Pro Ser Asp Pro Leu Glu Leu Val Val Thr Gly Thr Ser Val Thr

195 200 205

Pro Ser Arg Leu Pro Thr Glu Pro Pro Ser Ser Val Ala Glu Phe Ser

【 0 0 3 8 】

35 40 45

Phe Leu Gly Tyr Pro Phe Ala Leu Phe Tyr Arg His Tyr Leu Phe Tyr

50

55

60

Lys Glu Thr Tyr Leu Ile His Leu Phe His Thr Phe Thr Gly Leu Ser

65

70

75

80

Ile Ala Tyr Phe Asn Phe Gly Asn Gln Leu Tyr His Ser Leu Leu Cys

85

90

95

Ile Val Leu Gln Phe Leu Ile Leu Arg Leu Met Gly Arg Thr Ile Thr

100

105

110

Ala Val Leu Thr Thr Phe Cys Phe Gln Met Ala Tyr Leu Leu Ala Gly

115

120

125

Tyr Tyr Tyr Thr Ala Thr Gly Asn Tyr Asp Ile Lys Trp Thr Met Pro

130

135

140

His Cys Val Leu Thr Leu Lys Leu Ile Gly Leu Ala Val Asp Tyr Phe

145

150

155

160

Asp Gly Gly Lys Asp Gln Asn Ser Leu Ser Ser Glu Gln Gln Lys Tyr

165

170

175

Ala Ile Arg Gly Val Pro Ser Leu Leu Glu Val Ala Gly Phe Ser Tyr

180

185

190

Phe Tyr Gly Ala Phe Leu Val Gly Pro Gln Phe Ser Met Asn His Tyr

195

200

205

Met Lys Leu Val Gln Gly Glu Leu Ile Asp Ile Pro Gly Lys Ile Pro

210

215

220

Asn Ser Ile Ile Pro Ala Leu Lys Arg Leu Ser Leu Gly Leu Phe Tyr

225

230

235

240

Leu Val Gly Tyr Thr Leu Leu Ser Pro His Ile Thr Glu Asp Tyr Leu

245

250

255

Leu Thr Glu Asp Tyr Asp Asn His Pro Phe Trp Phe Arg Cys Met Tyr

260

265

270

Met Leu Ile Trp Gly Lys Phe Val Leu Tyr Lys Tyr Val Thr Cys Trp

275	280	285
Leu Val Thr Glu Gly Val Cys Ile Leu Thr Gly Leu Gly Phe Asn Gly		
290	295	300
Phe Glu Glu Lys Gly Lys Ala Lys Trp Asp Ala Cys Ala Asn Met Lys		
305	310	315
Val Trp Leu Phe Glu Thr Asn Pro Arg Phe Thr Gly Thr Ile Ala Ser		
325	330	335
Phe Asn Ile Asn Thr Asn Ala Trp Val Ala Arg Tyr Ile Phe Lys Arg		
340	345	350
Leu Lys Phe Leu Gly Asn Lys Glu Leu Ser Gln Gly Leu Ser Leu Leu		
355	360	365
Phe Leu Ala Leu Trp His Gly Leu His Ser Gly Tyr Leu Val Cys Phe		
370	375	380
Gln Met Glu Phe Leu Ile Val Ile Val Glu Arg Gln Ala Ala Arg Leu		
385	390	395
Ile Gln Glu Ser Pro Thr Leu Ser Lys Leu Ala Ala Ile Thr Val Leu		
405	410	415
Gln Pro Phe Tyr Tyr Leu Val Gln Gln Thr Ile His Trp Leu Phe Met		
420	425	430
Gly Tyr Ser Met Thr Ala Phe Cys Leu Phe Thr Trp Asp Lys Trp Leu		
435	440	445
Lys Val Tyr Lys Ser Ile Tyr Phe Leu Gly His Ile Phe Phe Leu Ser		
450	455	460
Leu Leu Phe Ile Leu Pro Tyr Ile His Lys Ala Met Val Pro Arg Lys		
465	470	475
Glu Lys Leu Lys Lys Met Glu		480
485		

【 0 0 3 9 】

<210> 3

<211> 262

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 3

Met Ala Ala Ala Ser Ala Gly Ala Thr Arg Leu Leu Leu Leu Leu

1

5

10

15

Met Ala Val Ala Ala Pro Ser Arg Ala Arg Gly Ser Gly Cys Arg Ala

20

25

30

Gly Thr Gly Ala Arg Gly Ala Gly Ala Glu Gly Arg Glu Gly Glu Ala

35

40

45

Cys Gly Thr Val Gly Leu Leu Leu Glu His Ser Phe Glu Ile Asp Asp

50

55

60

Ser Ala Asn Phe Arg Lys Arg Gly Ser Leu Leu Trp Asn Gln Gln Asp

65

70

75

80

Gly Thr Leu Ser Leu Ser Gln Arg Gln Leu Ser Glu Glu Glu Arg Gly

85

90

95

Arg Leu Arg Asp Val Ala Ala Leu Asn Gly Leu Tyr Arg Val Arg Ile

100

105

110

Pro Arg Arg Pro Gly Ala Leu Asp Gly Leu Glu Ala Gly Gly Tyr Val

115

120

125

Ser Ser Phe Val Pro Ala Cys Ser Leu Val Glu Ser His Leu Ser Asp

130

135

140

Gln Leu Thr Leu His Val Asp Val Ala Gly Asn Val Val Gly Val Ser

145

150

155

160

Val Val Thr His Pro Gly Gly Cys Arg Gly His Glu Val Glu Asp Val

165

170

175

Asp Leu Glu Leu Phe Asn Thr Ser Val Gln Leu Gln Pro Pro Thr Thr

180

185

190

Ala Pro Gly Pro Glu Thr Ala Ala Phe Ile Glu Arg Leu Glu Met Glu

195 200 205
 Gln Ala Gln Lys Ala Lys Asn Pro Gln Glu Gln Lys Ser Phe Phe Ala
 210 215 220
 Lys Tyr Trp Met Tyr Ile Ile Pro Val Val Leu Phe Leu Met Met Ser
 225 230 235 240
 Gly Ala Pro Asp Thr Gly Gly Gln Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

245 250 255
 Gly Gly Gly Ser Gly Arg

260

【 0 0 4 0 】

<210> 4

<211> 166

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 4

Met Gln Pro Pro Val Pro Gly Pro Leu Gly Leu Leu Asp Pro Ala Glu
 1 5 10 15
 Gly Leu Ser Arg Arg Lys Lys Thr Ser Leu Trp Phe Val Gly Ser Leu
 20 25 30
 Leu Leu Val Ser Val Leu Ile Val Thr Val Gly Leu Ala Ala Thr Thr
 35 40 45
 Arg Thr Glu Asn Val Thr Val Gly Gly Tyr Tyr Pro Gly Ile Ile Leu
 50 55 60
 Gly Phe Gly Ser Phe Leu Gly Ile Ile Gly Ile Asn Leu Val Glu Asn
 65 70 75 80
 Arg Arg Gln Met Leu Val Ala Ala Ile Val Phe Ile Ser Phe Gly Val
 85 90 95
 Val Ala Ala Phe Cys Cys Ala Ile Val Asp Gly Val Phe Ala Ala Gln
 100 105 110

His Ile Glu Pro Arg Pro Leu Thr Thr Gly Arg Cys Gln Phe Tyr Ser

115

120

125

Ser Gly Val Gly Tyr Leu Tyr Asp Val Tyr Gln Thr Glu Val Ser Arg

130

135

140

Ser Thr Glu Ile His Val Gly Phe Ala Gln Leu Thr Pro Pro Thr Pro

145

150

155

160

Arg Gly Phe Pro Cys Thr

165

【0 0 4 1】

<210> 5

<211> 416

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 5

Met Ser Glu Ala Asp Gly Leu Arg Gln Arg Arg Pro Leu Arg Pro Gln

1

5

10

15

Val Val Thr Asp Asp Asp Gly Gln Ala Pro Glu Ala Lys Asp Gly Ser

20

25

30

Ser Phe Ser Gly Arg Val Phe Arg Val Thr Phe Leu Met Leu Ala Val

35

40

45

Ser Leu Thr Val Pro Leu Leu Gly Ala Met Met Leu Leu Glu Ser Pro

50

55

60

Ile Asp Pro Gln Pro Leu Ser Phe Lys Glu Pro Pro Leu Leu Leu Gly

65

70

75

80

Val Leu His Pro Asn Thr Lys Leu Arg Gln Ala Glu Arg Leu Phe Glu

85

90

95

Asn Gln Leu Val Gly Pro Glu Ser Ile Ala His Ile Gly Asp Val Met

100

105

110

Phe Thr Gly Thr Ala Asp Gly Arg Val Val Lys Leu Glu Asn Gly Glu

115	120	125
Ile Glu Thr Ile Ala Arg Phe Gly Ser Gly Pro Cys Lys Thr Arg Asp		
130	135	140
Asp Glu Pro Val Cys Gly Arg Pro Leu Gly Ile Arg Ala Gly Pro Asn		
145	150	155
Gly Thr Leu Phe Val Ala Asp Ala Tyr Lys Gly Leu Phe Glu Val Asn		
165	170	175
Pro Trp Lys Arg Glu Val Lys Leu Leu Leu Ser Ser Glu Thr Pro Ile		
180	185	190
Glu Gly Lys Asn Met Ser Phe Val Asn Asp Leu Thr Val Thr Gln Asp		
195	200	205
Gly Arg Lys Ile Tyr Phe Thr Asp Ser Ser Ser Lys Trp Gln Arg Arg		
210	215	220
Asp Tyr Leu Leu Leu Val Met Glu Gly Thr Asp Asp Gly Arg Leu Leu		
225	230	235
Glu Tyr Asp Thr Val Thr Arg Glu Val Lys Val Leu Leu Asp Gln Leu		
245	250	255
Arg Phe Pro Asn Gly Val Gln Leu Ser Pro Ala Glu Asp Phe Val Leu		
260	265	270
Val Ala Glu Thr Thr Met Ala Arg Ile Arg Arg Val Tyr Val Ser Gly		
275	280	285
Leu Met Lys Gly Gly Ala Asp Leu Phe Val Glu Asn Met Pro Gly Phe		
290	295	300
Pro Asp Asn Ile Arg Pro Ser Ser Ser Gly Gly Tyr Trp Val Gly Met		
305	310	315
Ser Thr Ile Arg Pro Asn Pro Gly Phe Ser Met Leu Asp Phe Leu Ser		
325	330	335
Glu Arg Pro Trp Ile Lys Arg Met Ile Phe Lys Leu Phe Ser Gln Glu		
340	345	350

Thr Val Met Lys Phe Val Pro Arg Tyr Ser Leu Val Leu Glu Leu Ser

355

360

365

Asp Ser Gly Ala Phe Arg Arg Ser Leu His Asp Pro Asp Gly Leu Val

370

375

380

Ala Thr Tyr Ile Ser Glu Val His Glu His Asp Gly His Leu Tyr Leu

385

390

395

400

Gly Ser Phe Arg Ser Pro Phe Leu Cys Arg Leu Ser Leu Gln Ala Val

405

410

415

【 0 0 4 2 】

<210> 6

<211> 117

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 6

Met Arg Leu Ser Leu Pro Leu Leu Leu Leu Leu Gly Ala Trp Ala

1

5

10

15

Ile Pro Gly Gly Leu Gly Asp Arg Ala Pro Leu Thr Ala Thr Ala Pro

20

25

30

Gln Leu Asp Asp Glu Glu Met Tyr Ser Ala His Met Pro Ala His Leu

35

40

45

Arg Cys Asp Ala Cys Arg Ala Val Ala Tyr Gln Val Ser Pro Ser Pro

50

55

60

Leu Ser Pro Cys Pro Ala His Thr Pro Ser Gln Ala Arg Pro Leu His

65

70

75

80

Pro Pro His Ile Pro Pro Pro Ala Phe Asp Pro Gln Ser Leu Pro Leu

85

90

95

Gly Ile Lys Pro Gln Met Gln Pro Phe Ile Tyr Ser Met Pro Gln Phe

100

105

110

Thr His Leu Pro Ala

115

【0 0 4 3】

<210> 7

<211> 324

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 7

Met Ser Val Glu Asp Gly Gly Met Pro Gly Leu Gly Arg Pro Arg Gln

1

5

10

15

Ala Arg Trp Thr Leu Met Leu Leu Leu Ser Thr Ala Met Tyr Gly Ala

20

25

30

His Ala Pro Leu Leu Ala Leu Cys His Val Asp Gly Arg Val Pro Phe

35

40

45

Arg Pro Ser Ser Ala Val Leu Leu Thr Glu Leu Thr Lys Leu Leu Leu

50

55

60

Cys Ala Phe Ser Leu Leu Val Gly Trp Gln Ala Trp Pro Gln Gly Pro

65

70

75

80

Pro Pro Trp Arg Gln Ala Ala Pro Phe Ala Leu Ser Ala Leu Leu Tyr

85

90

95

Gly Ala Asn Asn Asn Leu Val Ile Tyr Leu Gln Arg Tyr Met Asp Pro

100

105

110

Ser Thr Tyr Gln Val Leu Ser Asn Leu Lys Ile Gly Ser Thr Ala Val

115

120

125

Leu Tyr Cys Leu Cys Leu Arg His Arg Leu Ser Val Arg Gln Gly Leu

130

135

140

Ala Leu Leu Leu Leu Met Ala Ala Gly Ala Cys Tyr Ala Ala Gly Gly

145

150

155

160

Leu Gln Val Pro Gly Asn Thr Leu Pro Ser Pro Pro Pro Ala Ala Ala

165

170

175

Ala Ser Pro Met Pro Leu His Ile Thr Pro Leu Gly Leu Leu Leu Leu

180

185

190

Ile Leu Tyr Cys Leu Ile Ser Gly Leu Ser Ser Val Tyr Thr Glu Leu

195

200

205

Leu Met Lys Arg Gln Arg Leu Pro Leu Ala Leu Gln Asn Leu Phe Leu

210

215

220

Tyr Thr Phe Gly Val Leu Leu Asn Leu Gly Leu His Ala Gly Gly Gly

225

230

235

240

Ser Gly Pro Gly Leu Leu Glu Gly Phe Ser Gly Trp Ala Ala Leu Val

245

250

255

Val Leu Ser Gln Ala Leu Asn Gly Leu Leu Met Ser Ala Val Met Lys

260

265

270

His Gly Ser Ser Ile Thr Arg Leu Phe Val Val Ser Cys Ser Leu Val

275

280

285

Val Asn Ala Val Leu Ser Ala Val Leu Leu Arg Leu Gln Leu Thr Ala

290

295

300

Ala Phe Phe Leu Ala Thr Leu Leu Ile Gly Leu Ala Met Arg Leu Tyr

305

310

315

320

Tyr Gly Ser Arg

【 0 0 4 4 】

<210> 8

<211> 137

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 8

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu

1

5

10

15

Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu

20

25

30

Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser

35

40

45

Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro

50

55

60

Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln

65

70

75

80

Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr

85

90

95

Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly

100

105

110

Gly Ala Ala Ala Pro Tyr Pro Ala Ser Gln Pro Pro Tyr Asn Pro Ala

115

120

125

Tyr Met Asp Ala Pro Lys Ala Ala Leu

130

135

【 0 0 4 5 】

<210> 9

<211> 311

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 9

Met Gly Val Pro Thr Ala Leu Glu Ala Gly Ser Trp Arg Trp Gly Ser

1

5

10

15

Leu Leu Phe Ala Leu Phe Leu Ala Ala Ser Leu Gly Pro Val Ala Ala

20

25

30

Phe Lys Val Ala Thr Pro Tyr Ser Leu Tyr Val Cys Pro Glu Gly Gln

35

40

45

Asn Val Thr Leu Thr Cys Arg Leu Leu Gly Pro Val Asp Lys Gly His

50

55

60

Asp Val Thr Phe Tyr Lys Thr Trp Tyr Arg Ser Ser Arg Gly Glu Val

65	70	75	80
Gln Thr Cys Ser Glu Arg Arg Pro Ile Arg Asn Leu Thr Phe Gln Asp			
	85	90	95
Leu His Leu His His Gly Gly His Gln Ala Ala Asn Thr Ser His Asp			
	100	105	110
Leu Ala Gln Arg His Gly Leu Glu Ser Ala Ser Asp His His Gly Asn			
115	120	125	
Phe Ser Ile Thr Met Arg Asn Leu Thr Leu Leu Asp Ser Gly Leu Tyr			
130	135	140	
Cys Cys Leu Val Val Glu Ile Arg His His His Ser Glu His Arg Val			
145	150	155	160
His Gly Ala Met Glu Leu Gln Val Gln Thr Gly Lys Asp Ala Pro Ser			
	165	170	175
Asn Cys Val Val Tyr Pro Ser Ser Ser Gln Glu Ser Glu Asn Ile Thr			
	180	185	190
Ala Ala Ala Leu Ala Thr Gly Ala Cys Ile Val Gly Ile Leu Cys Leu			
195	200	205	
Pro Leu Ile Leu Leu Leu Val Tyr Lys Gln Arg Gln Ala Ala Ser Asn			
210	215	220	
Arg Arg Ala Gln Glu Leu Val Arg Met Asp Ser Asn Ile Gln Gly Ile			
225	230	235	240
Glu Asn Pro Gly Phe Glu Ala Ser Pro Pro Ala Gln Gly Ile Pro Glu			
	245	250	255
Ala Lys Val Arg His Pro Leu Ser Tyr Val Ala Gln Arg Gln Pro Ser			
	260	265	270
Glu Ser Gly Arg His Leu Leu Ser Glu Pro Ser Thr Pro Leu Ser Pro			
	275	280	285
Pro Gly Pro Gly Asp Val Phe Phe Pro Ser Leu Asp Pro Val Pro Asp			
290	295	300	

Ser Pro Asn Phe Glu Val Ile

305

310

【 0 0 4 6 】

<210> 10

<211> 543

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 10

Met Ala Val Ser Glu Arg Arg Gly Leu Gly Arg Gly Ser Pro Ala Glu

1

5

10

15

Trp Gly Gln Arg Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Gly Gly Cys Ser Gly

20

25

30

Arg Ile His Arg Leu Ala Leu Thr Gly Glu Lys Arg Ala Asp Ile Gln

35

40

45

Leu Asn Ser Phe Gly Phe Tyr Thr Asn Gly Ser Leu Glu Val Glu Leu

50

55

60

Ser Val Leu Arg Leu Gly Leu Arg Glu Ala Glu Glu Lys Ser Leu Leu

65

70

75

80

Val Gly Phe Ser Leu Ser Arg Val Arg Ser Gly Arg Val Arg Ser Tyr

85

90

95

Ser Thr Arg Asp Phe Gln Asp Cys Pro Leu Gln Lys Asn Ser Ser Ser

100

105

110

Phe Leu Val Leu Phe Leu Ile Asn Thr Lys Asp Leu Gln Val Gln Val

115

120

125

Arg Lys Tyr Gly Glu Gln Lys Thr Leu Phe Ile Phe Pro Gly Leu Leu

130

135

140

Pro Glu Ala Pro Ser Lys Pro Gly Leu Pro Lys Pro Gln Ala Thr Val

145

150

155

160

Pro Arg Lys Val Asp Gly Gly Gly Thr Ser Ala Ala Ser Lys Pro Lys

165	170	175
Ser Thr Pro Ala Val Ile Gln Gly Pro Ser Gly Lys Asp Lys Asp Leu		
180	185	190
Val Leu Gly Leu Ser His Leu Asn Asn Ser Tyr Asn Phe Ser Phe His		
195	200	205
Val Val Ile Gly Ser Gln Ala Glu Glu Gly Gln Tyr Ser Leu Asn Phe		
<hr/>		
210	215	220
His Asn Cys Asn Asn Ser Val Pro Gly Lys Glu His Pro Phe Asp Ile		
225	230	235
Thr Val Met Ile Arg Glu Lys Asn Pro Asp Gly Phe Leu Ser Ala Ala		
245	250	255
Glu Met Pro Leu Phe Lys Leu Tyr Met Val Met Ser Ala Cys Phe Leu		
260	265	270
Ala Ala Gly Ile Phe Trp Val Ser Ile Leu Cys Arg Asn Thr Tyr Ser		
275	280	285
Val Phe Lys Ile His Trp Leu Met Ala Ala Leu Ala Phe Thr Lys Ser		
290	295	300
Ile Ser Leu Leu Phe His Ser Ile Asn Tyr Tyr Phe Ile Asn Ser Gln		
305	310	315
Gly His Pro Ile Glu Gly Leu Ala Val Met Tyr Tyr Ile Ala His Leu		
325	330	335
Leu Lys Gly Ala Leu Leu Phe Ile Thr Ile Ala Leu Ile Gly Ser Gly		
340	345	350
Trp Ala Phe Ile Lys Tyr Val Leu Ser Asp Lys Glu Lys Lys Val Phe		
355	360	365
Gly Ile Val Ile Pro Met Gln Val Leu Ala Asn Val Ala Tyr Ile Ile		
370	375	380
Ile Glu Ser Arg Glu Glu Gly Ala Ser Asp Tyr Val Leu Trp Lys Glu		
385	390	395
		400

Ile Leu Phe Leu Val Asp Leu Ile Cys Cys Gly Ala Ile Leu Phe Pro

405 410 415

Val Val Trp Ser Ile Arg His Leu Gln Asp Ala Ser Gly Thr Asp Gly

420 425 430

Lys Val Ala Val Asn Leu Ala Lys Leu Lys Leu Phe Arg His Tyr Tyr

435 440 445

Val Met Val Ile Cys Tyr Val Tyr Phe Thr Arg Ile Ile Ala Ile Leu

450 455 460

Leu Gln Val Ala Val Pro Phe Gln Trp Gln Trp Leu Tyr Gln Leu Leu

465 470 475 480

Val Glu Gly Ser Thr Leu Ala Phe Phe Val Leu Thr Gly Tyr Lys Phe

485 490 495

Gln Pro Thr Gly Asn Asn Pro Tyr Leu Gln Leu Pro Gln Glu Asp Glu

500 505 510

Glu Asp Val Gln Met Glu Gln Val Met Thr Asp Ser Gly Phe Arg Glu

515 520 525

Gly Leu Ser Lys Val Asn Lys Thr Ala Ser Gly Arg Glu Leu Leu

530 535 540

【0 0 4 7】

<210> 11

<211> 1017

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 11

atgtctccat ccccgaccgc cctcttctgt cttgggctgt gtctggggcg tgtgccagcg	60
cagagtggac cgctcccaa gccctccctc caggctctgc ccagctccct ggtgccctg	120
gagaagccag tgaccctccg gtgccaggga cctccgggagc tggacctgta ccgcctggag	180
aagctgagtt ccagcaggta ccaggatcag gcagtcctct tcatcccggc catgaagaga	240
agtctggctg gacgctaccg ctgctcctac cagaacggaa gcctctggtc cctgcccagc	300

gaccagctgg agctcgttgc cacgggagtt ttgccaac cctcgtctc agcccagccc 360
 ggcccggcgg tgtcgtcagg aggggacgta accctacagt gtcagactcg gtatggcttt 420
 gaccaatttg ctctgtacaa ggaaggggac cctgcgcctt acaagaatcc cgagagatgg 480
 taccgggcta gttttccat catcacggig accgccgccc acagcggaac ctaccgatgc 540
 tacagcttct ccagcagga cccatacctg tggtcggccc ccagcgaccc cctggagctt 600
 gtggtcacag gaacctctgt gacccccagc cggttacaa cagaaccacc ttcctcggta 660

gcagaattct cagaagccac cgctgaactg accgtctcat tcacaaacga agtcttcaca 720
 actgagactt ctaggagtat caccgccagt ccaaaggagt cagactctcc agctggctct 780
 gcccgccagt actacacaa gggcaacctg gtccggatat gcctcggggc tgtgaccta 840
 ataatcctgg cggggtttct ggcagaggac tggcacagcc ggaggaagcg cctgcggcac 900
 aggggcaggg ctgtgcagag gccgcttccg cccctccgc cctcccgt gacccgaaa 960
 tcacacgggg gtcaggatgg aggccgacag gatgttcaca gccgcgggtt atgttca 1017

【 0 0 4 8 】

<210> 12

<211> 1461

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 12

atggcgtcct cagcggaggg ggacgagggg actgtggtgg cgctggcggg ggttctgcag 60
 tcgggtttcc aggagctgag ccttaacaag ttggcgacgt ccctgggcgc gtcagaacag 120
 gcgctgcggc tgatcatctc catcttctg ggttaccctt ttgctttgtt ttatcgcat 180
 taccttttct acaaggagac ctacctatc cactcttcc atacctttac aggcctctca 240
 attgcttatt ttaactttgg aaaccagctc taccactccc tgctgtgtat tgtgcttcag 300
 ttcctcatcc ttcgactaat gggccgcacc atcactgccg tctcactac cttttgcttc 360
 cagatggcct accttctggc tggatactat tacactgcca ccggcaacta cgatatcaag 420
 tggacaatgc cacatttgtt tctgactttg aagctgattg gtttggctgt tgactacttt 480
 gacggaggga aagatcagaa ttccttgtcc tctgagcaac agaaatatgc catacgtggt 540
 gttccttccc tgctggaagt tgctggtttc tctacttct atggggcctt cttggtaggg 600
 cccagtttct caatgaatca ctacatgaag ctggtgcagg gagagctgat tgacatacca 660

ggaaagatac caaacagcat cattcctgct ctcaagcgcc tgagtctggg ccttttctac	720
ctagtgggct acacactgct cagccccac atcacagaag actatctcct cactgaagac	780
tatgacaacc accccttctg gttccgctgc atgtacatgc tgatctgggg caagtttgtg	840
ctgtacaaat atgtcacctg ttggctggtc acagaaggag tatgcatttt gacgggcctg	900
ggcttcaatg gctttgaaga aaagggaag gcaaagtggg atgcctgtgc caacatgaag	960
gtgtggctct ttgaaacaaa cccccgttc actggcacca ttgcctcatt caacatcaac	1020
<hr/>	
accaacgcct ggggtggccc ctacatcttc aaacgactca agttccttgg aaataaagaa	1080
ctctctcagg gtctctcgtt gctattcctg gccctctggc acggcctgca ctcaggatac	1140
ctggctctgct tccagatgga attcctcatt gttattgtgg aaagacaggc tgccaggctc	1200
attcaagaga gccccaccct gagcaagctg gccgccatta ctgtcctcca gcccttctac	1260
tatttgggtgc aacagaccat ccactggctc ttcattgggt actccatgac tgccttctgc	1320
ctcttcacgt gggacaaatg gcttaagggt tataaatcca tctatttcct tggccacatc	1380
ttcttcctga gcctactatt catattgcct tatattcaca aagcaatggt gccaaagaaa	1440
gagaagttaa agaagatgga a	1461

【0 0 4 9】

<210> 13

<211> 786

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 13

atggcggcag ccagcgtg ggcaaccgg ctgctcctgc tcttgctgat ggcggtagca	60
gcgcccagtc gagcccggg cagcggctgc cgggccggga ctggtgcgcg aggggctggg	120
gcggaaggtc gagagggcga ggcctgtggc acggtggggc tgctgctgga gcactcattt	180
gagatcgatg acagtgccaa ctcccggaag cggggctcac tgctctggaa ccagcaggat	240
ggtaccttgt cctgttcaca gcggcagctc agcgaggagg agcggggccg actccgggat	300
gtggcagccc tgaatggcct gtaccgggtc cgcatccaa ggcgaccgg ggccctggat	360
ggcctggaag ctggtggcta tgtctcctcc ttgtccctg cgtgctcct ggtagagtcg	420
cacctgtcgg accagctgac cctgcacgtg gatgtggccg gcaacgtggt gggcgtgtcg	480
gtgggtgacgc accccggggg ctgccggggc catgaggtgg aggacgtgga cctggagctg	540

ttcaacacct cggtgcagct gcagccgccc accacagccc caggccctga gacggcggcc	600
ttcattgagc gcctggagat ggaacaggcc cagaaggcca agaaccacca ggagcagaag	660
tccttcttcg ccaaatactg gatgtacatc attcccgtcg tcctgttctt catgatgtca	720
ggagcggccag acaccggggg ccagggtggg ggtgggggtg ggggtggtgg tgggggtagt	780
ggccgg	786

【 0 0 5 0 】

<210> 14

<211> 498

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 14

atgcagccgc cggtgcccgg gcccctgggc ctgctggacc ccgcagaagg gctttcgagg	60
aggaagaaga cgtcgctctg gtttgtgggg tctctgctgc tgggtgccgt cctcatagtc	120
accgtcgggc tggctgccac caccaggacg gagaatgtga ccgttggggg ctactacca	180
gggatcattc tcggcttttg atctttctta ggaattattg gcatcaactt ggtggagaat	240
agaaggcaaa tgctgggtggc agcgatcgtg ttatcagtt ttggcgtggt ggccgccttc	300
tgctgcgcca tcgtggacgg cgtatttgca gcacagcaca ttgaaccgag gcccctcacc	360
acgggaagat gccagtttta ctccagtggg gtgggttact tgtacgatgt ctaccagaca	420
gaggtagca ggagcactga gattcatgtg ggttttgctc agctaacccc gccgacccca	480
cgcggttttc cctgcaca	498

【 0 0 5 1 】

<210> 15

<211> 1248

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 15

atgagcgagg cggacgggct gcgacagcgc cggcccctgc ggccgcaggc cgtcacagac	60
gatgatggcc aggccccgga ggctaaggac ggcagctcct ttagcggcag agttttccga	120
gtgaccttct tgatgctggc tgtttctctc accgttcccc tgcttggagc catgatgctg	180

ctggaatctc ctatagatcc acagcctctc agcttcaaag aacccccgct ctgtcttggt	240
gttctgcata caaatacgaa gctgcgacag gcagaaaggc tgtttgaaaa tcaacttggt	300
ggaccggagt ccatagcaca tattggggat gtgatgttta ctgggacagc agatggccgg	360
gtcgtaaaaac ttgaaaatgg tgaaatagag accattgccc ggtttggttc gggcccttgc	420
aaaacccgag atgatgagcc tgtgtgtggg agacccttgg gtatccgtgc agggcccaat	480
gggactctct ttgtggccga tgcatacaag ggactatttg aagtaaatcc ctggaaacgt	540
<hr/>	
gaagtgaaac tgctgctgtc ctccgagaca cccattgagg ggaagaacat gtcctttgtg	600
aatgatctta cagtcactca ggatgggagg aagatttatt tcaccgattc tagcagcaaa	660
tggcaaagac gagactacct gcttctgggt atggagggca cagatgacgg gcgcctgctg	720
gagtatgata ctgtgaccag ggaagtaaaa gttttattgg accagctgcg gttcccgaat	780
ggagtccagc tgtctcttgc agaagacttt gtcctgggtg cagaaacaac catggccagg	840
atacgaagag tctacgtttc tggcctgatg aagggcgggg ctgatctgtt tgtggagaac	900
atgcctggat ttccagacaa catccggccc agcagctctg ggggtactg ggtgggcatg	960
tcgaccatcc gccctaacct tgggttttcc atgctggatt tcttatctga gagaccctgg	1020
attaaaagga tgatttttaa gctctttagt caagagacgg tgatgaagtt tgtgccgcgg	1080
tacagcctcg tcttagaact cagcgacagc ggtgccttcc ggagaagcct gcatgatccc	1140
gatgggctgg tggccaccta catcagcgag gtgcacgaac acgatgggca cctgtacctg	1200
ggctctttca ggtccccctt cctctgcaga ctcagcctcc aggctgtt	1248

[0 0 5 2]

<210> 16

<211> 351

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 16

atgaggctgt cactgccact gctgctgctg ctgctgggag cctgggccaat cccagggggc	60
ctcggggaca gggcgccact cacagccaca gccccacaac tggatgatga ggagatgtac	120
tcagcccaca tgcccgtca cctgcgctgt gatgcctgca gagctgtggc ttaccaggtg	180
agtccctcac cactgtcacc ctgccctgct cacaccctt ctcaagccag acccctccac	240
ccacctcaca ttccaccacc ggcctttgat cccaatccc taccactggg catcaagcca	300

cagatgcagc ctttcatata ttccatgcct cagtttaccc atctgcctgc c

351

【0 0 5 3】

<210> 17

<211> 972

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 17

atgagtgtag aggatggggg tatgccaggc ctgggccgtc ccaggcaggc ccgctggacc	60
ctgatgctac tctatccac tgccatgtac ggtgcccattg cccatttgct ggcactgtgc	120
catgtggacg gccgagtgc cttccggccc tctcagccg tgctgtgac tgagctgacc	180
aagctactgt tatgcgcctt ctcccttctg gtaggctggc aagcatggcc ccagggggccc	240
ccaccctggc gccaggctgc tcccttcgca ctatcagccc tgctctatgg cgctaacaac	300
aacctgggtga tctatcttca gcgttacatg gaccccagca cctaccagggt gctgagtaat	360
ctcaagattg gaagcacagc tgtgctctac tgcctctgcc tccggcaccg cctctctgtg	420
cgtcaggggt tagcgctgct gctgctgatg gctgcgggag cctgctatgc agcagggggc	480
cttcaagttc ccgggaacac ccttcccagt cccctccag cagctgctgc cagcccatg	540
cccctgcata tcactccgt aggcctgctg ctctcattc tgtactgcct catctcaggc	600
ttgtcgtcag tgtacacaga gctgctcatg aagcgacagc ggctgcccct ggcacttcag	660
aacctcttcc tctacacttt tgggtgtgctt ctgaatctag gtctgcatgc tggcggcggc	720
tctggcccag gcctcctgga aggtttctca ggatgggcag cactcgtggt gctgagccag	780
gcactaaatg gactgctcat gtctgctgtc atgaagcatg gcagcagcat cacacgcctc	840
tttgtggtgt cctgctcgct ggtgggtcaac gccgtgctct cagcagtcct gctacggctg	900
cagctcacag ccgccttctt cctggccaca ttgctcattg gcctggccat gcgcctgtac	960
tatggcagcc gc	972

【0 0 5 4】

<210> 18

<211> 411

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 18

atgggggttcg gagcgacctt ggccgttggc ctgaccatct ttgtgctgtc tgctgctact	60
atcatcatct gcttcacctg ctctgtctgc tgcctttaca agacgtgccg ccgaccacgt	120
ccggttgta ccaccaccac atccaccact gtggtgcatg ccccttatcc tcagcctcca	180
agtgtgccgc ccagctaccc tggaccaagc taccagggt accacacat gccgcctcag	240
ccagggatgc cagcagcacc ctacccaatg cagtaccac caccttacc agcccagccc	300
<hr/>	
atgggcccac cggcctacca cgagaccctg gctggaggag cagccgcgcc ctaccccgcc	360
agccagcctc cttacaaccc ggcctacatg gatgccccga aggcggccct c	411

【 0 0 5 5 】

<210> 19

<211> 933

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 19

atgggcgtcc ccacggccct ggaggccggc agctggcgct ggggatccct gctcttcgct	60
ctcttcctgg ctgcgtccct aggtccgggt gcagccttca aggtcgccac gccgtattcc	120
ctgtatgtct gtcccagggt gcagaacgtc accctcacct gcaggctctt gggccctgtg	180
gacaaagggt acgatgtgac ctctacaag acgtgtgacc gcagctcgag gggcgagggtg	240
cagacctgct cagagcgccg gcccattcgc aacctcacgt tccaggacct tcacctgcac	300
catggaggcc accaggctgc caacaccagc cagacctgg ctacgcgcca cgggctggag	360
tcggcctccg accaccatgg caacttctcc atcaccatgc gcaacctgac cctgctggat	420
agcggcctct actgctgcct ggtggtggag atcaggcacc accactcgga gcacagggtc	480
catggtgcca tggaactgca ggtgcagaca ggcaaagatg caccatccaa ctgtgtgggtg	540
tacccatcct cctcccagga gagtgaatac atcacggctg cagccctggc tacgggtgcc	600
tgcatcgtag gaatcctctg cctccccctc atcctgctcc tggctctaaa gcaaaggcag	660
gcagcctcca accgccgtgc ccaggagctg gtgcggatgg acagcaacat tcaagggtt	720
gaaaaccccg gctttgaagc ctaccacct gcccagggtg tacccaggc caaagtcagg	780
cacccctgt cctatgtggc ccagcggcag ccttctgagt ctgggcggca tctgctttcg	840
gagcccagca cccccctgtc tcttccaggc cccggagacg tcttcttccc atccctggac	900

cctgtccctg actctccaaa ctttgaggtc atc

933

【 0 0 5 6 】

<210> 20

<211> 1629

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 20

atggcagtga gcgagaggag ggggctcggc cgcgggagcc ccgcggagtg ggggcagcgg	60
ctacttctgg tgctgctgtt gggtaggctgc tccgggcgca tccaccggct ggcgctgacg	120
ggggagaagc gagcggacat ccagctgaac agcttcgggt tctacaccaa tggctctctg	180
gaggtggagt tgagcgtcct gcggctgggc ctccgggagg cagaagagaa gtccctgctg	240
gtggggttca gtctcagccg ggttcggctc ggcagagttc gctcctattc aaccgggat	300
ttccaggact gccctctcca gaaaaacagt agcagtttcc tggctcctgtt cctcatcaac	360
accaaggatc tgcagggtcca ggtgcggaag tatggagagc agaagacgtt gtttatcttt	420
cccgggctcc tcccgggaagc accctccaaa ccagggtcc cgaagccaca ggccacagtc	480
ccccgcaagg tggatggcgg agggacctct gcagccagca agcccaagtc aacaccgca	540
gtgattcagg gtcctagtgg gaaggacaag gacctgggtg tgggcctgag ccacctcaac	600
aactcctaca acttcagttt ccacgtggtg atcggctctc aggcggaaga aggccagtac	660
agcctgaact tccacaactg caacaattca gtgccaggaa aggagcatcc attcgacatc	720
acggtgatga tccgggagaa gaaccccgat ggcttcctgt cggcagcgga gatgccctt	780
ttcaagctct acatgggtcat gtccgcctgc ttcttgccg ctggcatctt ctgggtgtcc	840
atcctctgca ggaacacgta cagcgtcttc aagatccact ggctcatggc ggccttgccc	900
ttaccaaga gcatctctct cctcttccac agcatcaact actacttcat caacagccag	960
ggccacccca tcgaaggcct tgccgtcatg tactacatcg cacacctgct gaagggcgcc	1020
ctcctcttca tcaccatcgc cctgattggc tcaggctggg ccttcatcaa gtacgtcctg	1080
tcggataagg agaagaaggt ctttgggacg gtgatcccca tgcaggctcct ggccaacgtg	1140
gcctacatca tcatcgagtc ccgcgaggaa ggcgccagcg actacgtgct gtggaaggag	1200
atcttgttcc tggtaggacct catctgctgt ggtgccatcc tgttccccgt agtctggtcc	1260
atccggcatc tccaggatgc gtctggcaca gacgggaagg tggcagtga cctggccaag	1320

ctgaagctgt tccggcatta ctatgtcatg gtcactctgt acgtctactt caccgcgcatc	1380
atcgccatcc tgctgcaggt ggctgtgccc tticagtggc agtggctgta ccagctcttg	1440
gtggagggct ccaccctggc ctctctctgtg ctacacgggct acaagtcca gcccacaggg	1500
aacaaccctgt acctgcagct gcccagagg gacgaggagg atgttcagat ggagcaagta	1560
atgacggact ctgggttccg ggaaggcctc tccaaagtca acaaacagc cagcgggcgg	1620
gaactgtta	1629

【 0 0 5 7 】

<210> 21

<211> 2007

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (46)...(1065)

<400> 21

cacttccctc cctggccaca gagctcagga cagggctgag gaacc atg tct cca	54
---	----

Met Ser Pro

1

tcc ccg acc gcc ctc ttc tgt ctt ggg ctg tgt ctg ggg cgt gtg cca	102
---	-----

Ser Pro Thr Ala Leu Phe Cys Leu Gly Leu Cys Leu Gly Arg Val Pro

5

10

15

gcg cag agt gga ccg ctc ccc aag ccc tcc ctc cag gct ctg ccc agc	150
---	-----

Ala Gln Ser Gly Pro Leu Pro Lys Pro Ser Leu Gln Ala Leu Pro Ser

20

25

30

35

tcc ctg gtg ccc ctg gag aag cca gtg acc ctc cgg tgc cag gga cct	198
---	-----

Ser Leu Val Pro Leu Glu Lys Pro Val Thr Leu Arg Cys Gln Gly Pro

40

45

50

ccg ggc gtg gac ctg tac cgc ctg gag aag ctg agt tcc agc agg tac	246
---	-----

Pro Gly Val Asp Leu Tyr Arg Leu Glu Lys Leu Ser Ser Ser Arg Tyr

55	60	65	
cag gat cag gca gtc ctc ttc atc ccg gcc atg aag aga agt ctg gct			294
Gln Asp Gln Ala Val Leu Phe Ile Pro Ala Met Lys Arg Ser Leu Ala			
70	75	80	
gga cgc tac cgc tgc tcc tac cag aac gga agc ctc tgg tcc ctg ccc			342
Gly Arg Tyr Arg Cys Ser Tyr Gln Asn Gly Ser Leu Trp Ser Leu Pro			
85	90	95	
agc gac cag ctg gag ctc gtt gcc acg gga gtt ttt gcc aaa ccc tcg			390
Ser Asp Gln Leu Glu Leu Val Ala Thr Gly Val Phe Ala Lys Pro Ser			
100	105	110	115
ctc tca gcc cag ccc ggc ccg gcg gtg tcg tca gga ggg gac gta acc			438
Leu Ser Ala Gln Pro Gly Pro Ala Val Ser Ser Gly Gly Asp Val Thr			
120	125	130	
cta cag tgt cag act cgg tat ggc ttt gac caa ttt gct ctg tac aag			486
Leu Gln Cys Gln Thr Arg Tyr Gly Phe Asp Gln Phe Ala Leu Tyr Lys			
135	140	145	
gaa ggg gac cct gcg ccc tac aag aat ccc gag aga tgg tac cgg gct			534
Glu Gly Asp Pro Ala Pro Tyr Lys Asn Pro Glu Arg Trp Tyr Arg Ala			
150	155	160	
agt ttt ccc atc atc acg gtg acc gcc gcc cac agc gga acc tac cga			582
Ser Phe Pro Ile Ile Thr Val Thr Ala Ala His Ser Gly Thr Tyr Arg			
165	170	175	
tgc tac agc ttc tcc agc agg gac cca tac ctg tgg tcg gcc ccc agc			630
Cys Tyr Ser Phe Ser Ser Arg Asp Pro Tyr Leu Trp Ser Ala Pro Ser			
180	185	190	195
gac ccc ctg gag ctt gtg gtc aca gga acc tct gtg acc ccc agc cgg			678
Asp Pro Leu Glu Leu Val Val Thr Gly Thr Ser Val Thr Pro Ser Arg			
200	205	210	
tta cca aca gaa cca cct tcc tcg gta gca gaa ttc tca gaa gcc acc			726

Leu Pro Thr Glu Pro Pro Ser Ser Val Ala Glu Phe Ser Glu Ala Thr	
215	220
gct gaa ctg acc gtc tca ttc aca aac gaa gtc ttc aca act gag act	774
Ala Glu Leu Thr Val Ser Phe Thr Asn Glu Val Phe Thr Thr Glu Thr	
230	235
tct agg agt atc acc gcc agt cca aag gag tca gac tct cca gct ggt	822
Ser Arg Ser Ile Thr Ala Ser Pro Lys Glu Ser Asp Ser Pro Ala Gly	
245	250
cct gcc cgc cag tac tac acc aag ggc aac ctg gtc cgg ata tgc ctc	870
Pro Ala Arg Gln Tyr Tyr Thr Lys Gly Asn Leu Val Arg Ile Cys Leu	
260	265
ggg gct gtg atc cta ata atc ctg gcg ggg ttt ctg gca gag gac tgg	918
Gly Ala Val Ile Leu Ile Ile Leu Ala Gly Phe Leu Ala Glu Asp Trp	
280	285
cac agc cgg agg aag cgc ctg cgg cac agg ggc agg gct gtg cag agg	966
His Ser Arg Arg Lys Arg Leu Arg His Arg Gly Arg Ala Val Gln Arg	
295	300
ccg ctt ccg ccc ctc ccg ccc ctc ccg ctg acc cgg aaa tca cac ggg	1014
Pro Leu Pro Pro Leu Pro Pro Leu Pro Leu Thr Arg Lys Ser His Gly	
310	315
ggt cag gat gga ggc cga cag gat gtt cac agc cgc ggg tta tgt tca	1062
Gly Gln Asp Gly Gly Arg Gln Asp Val His Ser Arg Gly Leu Cys Ser	
325	330
tgaccgct gaaccccagg cacggtcgta tccaaggagg ggatcatggc atgggaggcg	1120
actcaaagac tggcgtgtgt ggagcgtgga agcaggaggg cagaggctac agctgtggaa	1180
acgaggccat gctgcctcct cctgggtgttc catcaggagg ccgttcggcc agtgtctgtc	1240
tgtctgtctg tctgcctctc tgtctgaggg caccctccat ttgggatgga aggaatctgt	1300
ggagacccca tctcctccc tgcacactgt ggatgacatg gtaccctggc tggaccacat	1360
actggcctct tcttcaacc tctctaatat gggctccaga cggatctcta aggttcccag	1420

ctctcagggt tgactctgtt ccattctctg tgcaaaatcc tcccgctgtt ccctttggcc 1480
 ctctgtgtctc ttgtctgggt tccccagaa actctcacc tcactccatc tcccactgcg 1540
 gtctaacaaa tctcccttcg tctctcagaa cgggtcttgc aggcagtttg ggtatgtcat 1600
 tcattttcct tagtgtaaaa ctagcacgtt gcccgttcc ctccacatta gaaaacaaga 1660
 tcagcctgtg caacatgggt aaacctcatc tctaccaaca aaacaaaaaa acacaaaaat 1720
 tagccagggt tgggtgtgca tccctatact cccagcaact cagggggctg aggtgggaga 1780

atggcttgag cctgggaggc agaggttgca gtgagctgag atcacaccac tgcactctag 1840
 ctcggttgac gaagcctgac ttgtctcaa aaaatacagg gatgaatatg tcaattaccc 1900
 tgatttgatc atagcacgtt gtatacatgt actgcaatat tgctgtccac cccataaata 1960
 tgtacaattc tgtatacatt tttaaaatca taaaaataag ataatgc 2007

【 0 0 5 8 】

<210> 22

<211> 2264

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (85)...(1548)

<400> 22

ggaattgggg gtgaagcgat agcgttttgc ccgcattcgg ggcgcgcgga gctgggggggt 60
 ccctgtgggg ctcccggagt taag atg gcg tcc tca gcg gag ggg gac gag 111

Met Ala Ser Ser Ala Glu Gly Asp Glu

1

5

ggg act gtg gtg gcg ctg gcg ggg gtt ctg cag tgc ggt ttc cag gag 159
 Gly Thr Val Val Ala Leu Ala Gly Val Leu Gln Ser Gly Phe Gln Glu

10

15

20

25

ctg agc ctt aac aag ttg gcg acg tcc ctg ggc gcg tca gaa cag gcg 207
 Leu Ser Leu Asn Lys Leu Ala Thr Ser Leu Gly Ala Ser Glu Gln Ala

30

35

40

ctg cgg ctg atc atc tcc atc ttc ctg ggt tac ccc ttt gct ttg ttt 255
Leu Arg Leu Ile Ile Ser Ile Phe Leu Gly Tyr Pro Phe Ala Leu Phe

45

50

55

tat cgg cat tac ctt ttc tac aag gag acc tac ctc atc cac ctc ttc 303
Tyr Arg His Tyr Leu Phe Tyr Lys Glu Thr Tyr Leu Ile His Leu Phe

60

65

70

cat acc ttt aca ggc ctc tca att gct tat ttt aac ttt gga aac cag 351
His Thr Phe Thr Gly Leu Ser Ile Ala Tyr Phe Asn Phe Gly Asn Gln

75

80

85

ctc tac cac tcc ctg ctg tgt att gtg ctt cag ttc ctc atc ctt cga 399
Leu Tyr His Ser Leu Leu Cys Ile Val Leu Gln Phe Leu Ile Leu Arg

90

95

100

105

cta atg ggc cgc acc atc act gcc gtc ctc act acc ttt tgc ttc cag 447
Leu Met Gly Arg Thr Ile Thr Ala Val Leu Thr Thr Phe Cys Phe Gln

110

115

120

atg gcc tac ctt ctg gct gga tac tat tac act gcc acc ggc aac tac 495
Met Ala Tyr Leu Leu Ala Gly Tyr Tyr Tyr Thr Ala Thr Gly Asn Tyr

125

130

135

gat atc aag tgg aca atg cca cat tgt gtt ctg act ttg aag ctg att 543
Asp Ile Lys Trp Thr Met Pro His Cys Val Leu Thr Leu Lys Leu Ile

140

145

150

ggc ttg gct gtt gac tac ttt gac gga ggg aaa gat cag aat tcc ttg 591
Gly Leu Ala Val Asp Tyr Phe Asp Gly Gly Lys Asp Gln Asn Ser Leu

155

160

165

tcc tct gag caa cag aaa tat gcc ata cgt ggt gtt cct tcc ctg ctg 639
Ser Ser Glu Gln Gln Lys Tyr Ala Ile Arg Gly Val Pro Ser Leu Leu

170

175

180

185

gaa gtt gct ggt ttc tcc tac ttc tat ggg gcc ttc ttg gta ggg ccc 687
Glu Val Ala Gly Phe Ser Tyr Phe Tyr Gly Ala Phe Leu Val Gly Pro

190	195	200	
cag ttc tca atg aat cac tac atg aag ctg gtg cag gga gag ctg att			735
Gln Phe Ser Met Asn His Tyr Met Lys Leu Val Gln Gly Glu Leu Ile			
205	210	215	
gac ata cca gga aag ata cca aac agc atc att cct gct ctc aag cgc			783
Asp Ile Pro Gly Lys Ile Pro Asn Ser Ile Ile Pro Ala Leu Lys Arg			
220	225	230	
ctg agt ctg ggc ctt ttc tac cta gtg ggc tac aca ctg ctc agc ccc			831
Leu Ser Leu Gly Leu Phe Tyr Leu Val Gly Tyr Thr Leu Leu Ser Pro			
235	240	245	
cac atc aca gaa gac tat ctc ctc act gaa gac tat gac aac cac ccc			879
His Ile Thr Glu Asp Tyr Leu Leu Thr Glu Asp Tyr Asp Asn His Pro			
250	255	260	265
ttc tgg ttc cgc tgc atg tac atg ctg atc tgg ggc aag ttt gtg ctg			927
Phe Trp Phe Arg Cys Met Tyr Met Leu Ile Trp Gly Lys Phe Val Leu			
270	275	280	
tac aaa tat gtc acc tgt tgg ctg gtc aca gaa gga gta tgc att ttg			975
Tyr Lys Tyr Val Thr Cys Trp Leu Val Thr Glu Gly Val Cys Ile Leu			
285	290	295	
acg ggc ctg ggc ttc aat ggc ttt gaa gaa aag ggc aag gca aag tgg			1023
Thr Gly Leu Gly Phe Asn Gly Phe Glu Glu Lys Gly Lys Ala Lys Trp			
300	305	310	
gat gcc tgt gcc aac atg aag gtg tgg ctc ttt gaa aca aac ccc cgc			1071
Asp Ala Cys Ala Asn Met Lys Val Trp Leu Phe Glu Thr Asn Pro Arg			
315	320	325	
ttc act ggc acc att gcc tca ttc aac atc aac acc aac gcc tgg gtg			1119
Phe Thr Gly Thr Ile Ala Ser Phe Asn Ile Asn Thr Asn Ala Trp Val			
330	335	340	345
gcc cgc tac atc ttc aaa cga ctc aag ttc ctt gga aat aaa gaa ctc			1167

Ala Arg Tyr Ile Phe Lys Arg Leu Lys Phe Leu Gly Asn Lys Glu Leu

350

355

360

tct cag ggt ctc tcg ttg cta ttc ctg gcc ctc tgg cac ggc ctg cac 1215

Ser Gln Gly Leu Ser Leu Leu Phe Leu Ala Leu Trp His Gly Leu His

365

370

375

tca gga tac ctg gtc tgc ttc cag atg gaa ttc ctc att gtt att gtg 1263

Ser Gly Tyr Leu Val Cys Phe Gln Met Glu Phe Leu Ile Val Ile Val

380

385

390

gaa aga cag gct gcc agg ctc att caa gag agc ccc acc ctg agc aag 1311

Glu Arg Gln Ala Ala Arg Leu Ile Gln Glu Ser Pro Thr Leu Ser Lys

395

400

405

ctg gcc gcc att act gtc ctc cag ccc ttc tac tat ttg gtg caa cag 1359

Leu Ala Ala Ile Thr Val Leu Gln Pro Phe Tyr Tyr Leu Val Gln Gln

410

415

420

425

acc atc cac tgg ctc ttc atg ggt tac tcc atg act gcc ttc tgc ctc 1407

Thr Ile His Trp Leu Phe Met Gly Tyr Ser Met Thr Ala Phe Cys Leu

430

435

440

ttc acg tgg gac aaa tgg ctt aag gtg tat aaa tcc atc tat ttc ctt 1455

Phe Thr Trp Asp Lys Trp Leu Lys Val Tyr Lys Ser Ile Tyr Phe Leu

445

450

455

ggc cac atc ttc ttc ctg agc cta cta ttc ata ttg cct tat att cac 1503

Gly His Ile Phe Phe Leu Ser Leu Leu Phe Ile Leu Pro Tyr Ile His

460

465

470

aaa gca atg gtg cca agg aaa gag aag tta aag aag atg gaa taatc 1550

Lys Ala Met Val Pro Arg Lys Glu Lys Leu Lys Lys Met Glu

475

480

485

catttcctg gtggcctgtg cgggactggt gcagaaacta ctgctctccc ttttcacagc 1610

actcctttgc cccagagcag agaattgaaa agccaggag gtggaagatc gatgcttcca 1670

gctgtgcctc tgctgccagc caagtcttca tttggggcca aaggggaaac ttttttttgg 1730

agaaggcgtc ttgctttgtc acccacgctg gaatgcagtg gcgggatctc agctcaccgc	1790
aacctccacc tcttgggttc aagtgatattt cctgcctcag cctcccaagt agctgggaat	1850
acaggcacgc caccatgccc agctaatttt tgtattttca gtagaaacgg gatttcacca	1910
cgttggccag gctgggtctcg aactcctgac cgcaagtgat ccacccgcct ccgcctccca	1970
aagtgtctggg attacaggcg tgagccaccg tgcccggccc aaaggggaaa ctcttgtggg	2030
aggagcagag gggctcacat ctccccctcg attcccccat gcacattgcc ttatctctcc	2090
<hr/>	
ccatctagcc aggaatctat tgtgtttttc ttctgccaat ttactatgat tgtgtatgtg	2150
ccgctaccac ccccccccc atgggggggt ggagagggt gcaaggccct gcctgctcca	2210
cttttctac cttagaactg tattagataa aatcattct gtttgttcag tttt	2264

【 0 0 5 9 】

<210> 23
 <211> 1907
 <212> DNA
 <213> Homo sapience
 <220>
 <221> CDS
 <222> (35)...(823)
 <400> 23

acagccgtcc ctctgctggt gggaagaagc cgag atg gcg gca gcc agc gct	52
Met Ala Ala Ala Ser Ala	
1 5	
ggg gca acc cgg ctg ctc ctg ctc ttg ctg atg gcg gta gca gcg ccc	100
Gly Ala Thr Arg Leu Leu Leu Leu Leu Met Ala Val Ala Ala Pro	
10 15 20	
agt cga gcc cgg ggc agc ggc tgc cgg gcc ggg act ggt gcg cga ggg	148
Ser Arg Ala Arg Gly Ser Gly Cys Arg Ala Gly Thr Gly Ala Arg Gly	
25 30 35	
gct ggg gcg gaa ggt cga gag ggc gag gcc tgt ggc acg gtg ggg ctg	196
Ala Gly Ala Glu Gly Arg Glu Gly Glu Ala Cys Gly Thr Val Gly Leu	

40	45	50	
ctg ctg gag cac tca ttt gag atc gat gac agt gcc aac ttc cgg aag			244
Leu Leu Glu His Ser Phe Glu Ile Asp Asp Ser Ala Asn Phe Arg Lys			
55	60	65	70
cgg ggc tca ctg ctc tgg aac cag cag gat ggt acc ttg tcc ctg tca			292
Arg Gly Ser Leu Leu Trp Asn Gln Gln Asp Gly Thr Leu Ser Leu Ser			
75	80	85	
cag cgg cag ctc agc gag gag gag cgg ggc cga ctc cgg gat gtg gca			340
Gln Arg Gln Leu Ser Glu Glu Glu Arg Gly Arg Leu Arg Asp Val Ala			
90	95	100	
gcc ctg aat ggc ctg tac cgg gtc cgg atc cca agg cga ccc ggg gcc			388
Ala Leu Asn Gly Leu Tyr Arg Val Arg Ile Pro Arg Arg Pro Gly Ala			
105	110	115	
ctg gat ggc ctg gaa gct ggt ggc tat gtc tcc tcc ttt gtc cct gcg			436
Leu Asp Gly Leu Glu Ala Gly Gly Tyr Val Ser Ser Phe Val Pro Ala			
120	125	130	
tgc tcc ctg gtg gag tcg cac ctg tcg gac cag ctg acc ctg cac gtg			484
Cys Ser Leu Val Glu Ser His Leu Ser Asp Gln Leu Thr Leu His Val			
135	140	145	150
gat gtg gcc ggc aac gtg gtg ggc gtg tcg gtg gtg acg cac ccc ggg			532
Asp Val Ala Gly Asn Val Val Gly Val Ser Val Val Thr His Pro Gly			
155	160	165	
ggc tgc cgg ggc cat gag gtg gag gac gtg gac ctg gag ctg ttc aac			580
Gly Cys Arg Gly His Glu Val Glu Asp Val Asp Leu Glu Leu Phe Asn			
170	175	180	
acc tcg gtg cag ctg cag ccg ccc acc aca gcc cca ggc cct gag acg			628
Thr Ser Val Gln Leu Gln Pro Pro Thr Thr Ala Pro Gly Pro Glu Thr			
185	190	195	
gcg gcc ttc att gag cgc ctg gag atg gaa cag gcc cag aag gcc aag			676

Ala Ala Phe Ile Glu Arg Leu Glu Met Glu Gln Ala Gln Lys Ala Lys	
200 205 210	
aac ccc cag gag cag aag tcc ttc ttc gcc aaa tac tgg atg tac atc	724
Asn Pro Gln Glu Gln Lys Ser Phe Phe Ala Lys Tyr Trp Met Tyr Ile	
215 220 225 230	
att ccc gtc gtc ctg ttc ctc atg atg tca gga gcg cca gac acc ggg	772
<hr/>	
Ile Pro Val Val Leu Phe Leu Met Met Ser Gly Ala Pro Asp Thr Gly	
235 240 245	
ggc cag ggt ggg ggt ggg ggt ggt ggt ggt ggt agt ggc cgg	820
Gly Gln Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Arg	
250 255 260	
tgagggccca ggctgggtcag cgctccgtct tgcacaccca ggggcctccc ttctgctgga	880
gtccctgtg tctcagcca tccaagaag ggtttgctgg tccctccttt cccccgtcc	940
cacgaggcca cctgggccag ccccttgtcc tctgccttct gctggcagag gagcagctgg	1000
actggggcct ttggcacagc agccggtgtc tcttgcgcc gcctccccca tggccccatg	1060
cagccccagg ggcttcccc ctgccccatgg agtagagccc gagatcctgg ccactatgcc	1120
agttctgacc tcgcatcccc ctaccccgag cccatgcagt ctgggaacat gccgccttct	1180
ctccagcctc tgtgcctttg ttccagggtg tctcacctc ctgtccctgg ctgggctagg	1240
tggctctgtc caggctcctg cagcgcccc ctcactttga cactggacta ggatgcagcc	1300
tcccttctgt gtcccttga gggtaccctg ggtccctca tcaggggcag aggcatgaaa	1360
gagtcggggc tggatggccg ggggcttctg ggcccgacgc ctagtgcagc ccctggggtc	1420
gtggtttgac atttgtctgc ctggigcaaa caaggaatcc ttgcctttaa ggtgacaggc	1480
cctccacagg ctccagact tgaaggaaaa ggtttaagaa agaaaacaaa accaacagtt	1540
agtggagtca aagcccagac actgtaaata gaacccctc caccaccccc cgccgccag	1600
catcctacct ggactgcggt gctacgaggg cctgcgggcc ttgtctgtgt gccaccctcc	1660
ctgtaagtct atttaaaaac atcgacgata cattgaaatg tgtgaacgtt ttgaaaagct	1720
acagcttcca gcagccaaaa gcaactgttg ttttggaag acggtcctga tgtacaagct	1780
tgattgaaat tcaactgtca cttgatacgt tattcagaaa cccaaggaat ggctgtcccc	1840
atcctcatgt ggctgtgtgg agctcagctg tgttgtgtgg cagtttatta aactgtcccc	1900

1907

cagatcg

【 0 0 6 0 】

<210> 24

<211> 1727

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (20)...(520)

<400> 24

agccgggtgg ggccctcggg atg cag ccg ccg gtg ccc ggg ccc ctg ggc	49
Met Gln Pro Pro Val Pro Gly Pro Leu Gly	
1 5 10	
ctg ctg gac ccc gca gaa ggg ctt tcg agg agg aag aag acg tcg ctc	97
Leu Leu Asp Pro Ala Glu Gly Leu Ser Arg Arg Lys Lys Thr Ser Leu	
15 20 25	
tgg ttt gtg ggg tct ctg ctg ctg gtg tcc gtc ctc ata gtc acc gtc	145
Trp Phe Val Gly Ser Leu Leu Leu Val Ser Val Leu Ile Val Thr Val	
30 35 40	
ggg ctg gct gcc acc acc agg acg gag aat gtg acc gtt ggg ggc tac	193
Gly Leu Ala Ala Thr Thr Arg Thr Glu Asn Val Thr Val Gly Gly Tyr	
45 50 55	
tac cca ggg atc att ctc ggc ttt gga tct ttc tta gga att att ggc	241
Tyr Pro Gly Ile Ile Leu Gly Phe Gly Ser Phe Leu Gly Ile Ile Gly	
60 65 70	
atc aac ttg gtg gag aat aga agg caa atg ctg gtg gca gcg atc gtg	289
Ile Asn Leu Val Glu Asn Arg Arg Gln Met Leu Val Ala Ala Ile Val	
75 80 85 90	
ttt atc agt ttt ggc gtg gtg gcc gcc ttc tgc tgc gcc atc gtg gac	337

Phe Ile Ser Phe Gly Val Val Ala Ala Phe Cys Cys Ala Ile Val Asp

95

100

105

ggc gta ttt gca gca cag cac att gaa ccg agg ccc ctc acc acg gga 385

Gly Val Phe Ala Ala Gln His Ile Glu Pro Arg Pro Leu Thr Thr Gly

110

115

120

aga tgc cag ttt tac tcc agt ggg gtg ggg tac ttg tac gat gtc tac 433

Arg Cys Gln Phe Tyr Ser Ser Gly Val Gly Tyr Leu Tyr Asp Val Tyr

125

130

135

cag aca gag gtg agc agg agc act gag att cat gtg ggt ttt gct cag 481

Gln Thr Glu Val Ser Arg Ser Thr Glu Ile His Val Gly Phe Ala Gln

140

145

150

cta acc ccg ccg acc cca cgc ggt ttt ccc tgc aca taggcgtggt ctg 530

Leu Thr Pro Pro Thr Pro Arg Gly Phe Pro Cys Thr

155

160

165

aatattttga ttctaatagt tcttgggggt cacccttgca gctggtgaac cgttgatgcc 590

ccctgtgttt gggaccttga catttcgatg tgctgtatit cactctggag tcagagttct 650

ggacttgctt cattaaatca caacagtctc agagtgcacg tgtccagttc tgtatggctc 710

ttccaattag catttttcta atttaattat tgcaataaga agcaaggata atacatttac 770

agtgtccgag aaacttctgg atttccttga gccaccgaca gcggcagtgt gacctcattt 830

ctctttccag gtcacctgtc actcccttga cggcaagtgc cagctgaagg tgagaagcaa 890

cacctgttac tgctgtgacc tctatgcctg cgggagcgca gagccctcgc ccgcctacta 950

tgagttcatc ggcgtcagcg gctgccagga cgtgctgcac ctgtaccgcc tgctctgggc 1010

ctctgcagtt ctgaacgtcc tgggcctgtt cctgggcac caccgccc cgcctctggg 1070

ggccttcaag gacatggtgc ctctgtccca gctggcctat ggcccagccg tcccaccaca 1130

gacctctac aaccccgccc agcagatcct ggccctacgca ggcttccgcc tgacgcccga 1190

gcctgtcccg acctgtcgt cctaccctct gcccttcag ccctgcagcc gcttccaggt 1250

tgcgccctcc tctgccctgg ctctgtctga ggacctgcag ccaccttctc caagcagctc 1310

tggtctctggg ctccccggcc aggtccacc gtgctacgca cccacctact ttccccggg 1370

ggagaagcca cccccctacg caccctgata gaggcgtgga gtaaaagata acttgtttgt 1430

ttttttttaa aaaaaaaaaag gcagcctcta gaaatcccgc ttctgtggcc aacctcctag 1490
 agaaccggg agaatgttcc agaagtctgt cccctccttt cctccctggg cacactggtg 1550
 agggaggctg gaaccaggca gggagtgggg cctccagac ccaggctggt gacaccttgg 1610
 ctgggctct gctcacacca aatggcgctg aaagttccca cccggcctcc tcctctgaga 1670
 gcaattgttc tgggtgtttc acatccctta attaattagc tattattatg attttgc 1727

【 0 0 6 1 】

<210> 25
 <211> 2150
 <212> DNA
 <213> Homo sapience
 <220>
 <221> CDS
 <222> (32)...(1282)
 <400> 25

ggtttctgcg ggtgaggctg gcgcccgtac c atg agc gag gcg gac ggg ctg 52
 Met Ser Glu Ala Asp Gly Leu
 1 5
 cga cag cgc cgg ccc ctg cgg ccg cag gtc gtc aca gac gat gat ggc 100
 Arg Gln Arg Arg Pro Leu Arg Pro Gln Val Val Thr Asp Asp Asp Gly
 10 15 20
 cag gcc ccg gag gct aag gac ggc agc tcc ttt agc ggc aga gtt ttc 148
 Gln Ala Pro Glu Ala Lys Asp Gly Ser Ser Phe Ser Gly Arg Val Phe
 25 30 35
 cga gtg acc ttc ttg atg ctg gct gtt tct ctc acc gtt ccc ctg ctt 196
 Arg Val Thr Phe Leu Met Leu Ala Val Ser Leu Thr Val Pro Leu Leu
 40 45 50 55
 gga gcc atg atg ctg ctg gaa tct cct ata gat cca cag cct ctc agc 244
 Gly Ala Met Met Leu Leu Glu Ser Pro Ile Asp Pro Gln Pro Leu Ser
 60 65 70

ttc aaa gaa ccc ccg ctc ttg ctt ggt gtt ctg cat cca aat acg aag 292
Phe Lys Glu Pro Pro Leu Leu Leu Gly Val Leu His Pro Asn Thr Lys

75

80

85

ctg cga cag gca gaa agg ctg ttt gaa aat caa ctt gtt gga ccg gag 340
Leu Arg Gln Ala Glu Arg Leu Phe Glu Asn Gln Leu Val Gly Pro Glu

90

95

100

tcc ata gca cat att ggg gat gtg atg ttt act ggg aca gca gat ggc 388
Ser Ile Ala His Ile Gly Asp Val Met Phe Thr Gly Thr Ala Asp Gly

105

110

115

cgg gtc gta aaa ctt gaa aat ggt gaa ata gag acc att gcc cgg ttt 436
Arg Val Val Lys Leu Glu Asn Gly Glu Ile Glu Thr Ile Ala Arg Phe

120

125

130

135

ggt tgc ggc cct tgc aaa acc cga gat gat gag cct gtg tgt ggg aga 484
Gly Ser Gly Pro Cys Lys Thr Arg Asp Asp Glu Pro Val Cys Gly Arg

140

145

150

ccc ctg ggt atc cgt gca ggg ccc aat ggg act ctc ttt gtg gcc gat 532
Pro Leu Gly Ile Arg Ala Gly Pro Asn Gly Thr Leu Phe Val Ala Asp

155

160

165

gca tac aag gga cta ttt gaa gta aat ccc tgg aaa cgt gaa gtg aaa 580
Ala Tyr Lys Gly Leu Phe Glu Val Asn Pro Trp Lys Arg Glu Val Lys

170

175

180

ctg ctg ctg tcc tcc gag aca ccc att gag ggg aag aac atg tcc ttt 628
Leu Leu Leu Ser Ser Glu Thr Pro Ile Glu Gly Lys Asn Met Ser Phe

185

190

195

gtg aat gat ctt aca gtc act cag gat ggg agg aag att tat ttc acc 676
Val Asn Asp Leu Thr Val Thr Gln Asp Gly Arg Lys Ile Tyr Phe Thr

200

205

210

215

gat tct agc agc aaa tgg caa aga cga gac tac ctg ctt ctg gtg atg 724
Asp Ser Ser Ser Lys Trp Gln Arg Arg Asp Tyr Leu Leu Leu Val Met

220	225	230	
gag ggc aca gat gac ggg cgc ctg ctg gag tat gat act gtg acc agg			772
Glu Gly Thr Asp Asp Gly Arg Leu Leu Glu Tyr Asp Thr Val Thr Arg			
235	240	245	
gaa gta aaa gtt tta ttg gac cag ctg cgg ttc ccg aat gga gtc cag			820
Glu Val Lys Val Leu Leu Asp Gln Leu Arg Phe Pro Asn Gly Val Gln			
250	255	260	
ctg tct cct gca gaa gac ttt gtc ctg gtg gca gaa aca acc atg gcc			868
Leu Ser Pro Ala Glu Asp Phe Val Leu Val Ala Glu Thr Thr Met Ala			
265	270	275	
agg ata cga aga gtc tac gtt tct ggc ctg atg aag ggc ggg gct gat			916
Arg Ile Arg Arg Val Tyr Val Ser Gly Leu Met Lys Gly Gly Ala Asp			
280	285	290	295
ctg ttt gtg gag aac atg cct gga ttt cca gac aac atc cgg ccc agc			964
Leu Phe Val Glu Asn Met Pro Gly Phe Pro Asp Asn Ile Arg Pro Ser			
300	305	310	
agc tct ggg ggg tac tgg gtg ggc atg tcg acc atc cgc cct aac cct			1012
Ser Ser Gly Gly Tyr Trp Val Gly Met Ser Thr Ile Arg Pro Asn Pro			
315	320	325	
ggg ttt tcc atg ctg gat ttc tta tct gag aga ccc tgg att aaa agg			1060
Gly Phe Ser Met Leu Asp Phe Leu Ser Glu Arg Pro Trp Ile Lys Arg			
330	335	340	
atg att ttt aag ctc ttt agt caa gag acg gtg atg aag ttt gtg ccg			1108
Met Ile Phe Lys Leu Phe Ser Gln Glu Thr Val Met Lys Phe Val Pro			
345	350	355	
cgg tac agc ctc gtc cta gaa ctc agc gac agc ggt gcc ttc cgg aga			1156
Arg Tyr Ser Leu Val Leu Glu Leu Ser Asp Ser Gly Ala Phe Arg Arg			
360	365	370	375
agc ctg cat gat ccc gat ggg ctg gtg gcc acc tac atc agc gag gtg			1204

Ser	Leu	His	Asp	Pro	Asp	Gly	Leu	Val	Ala	Thr	Tyr	Ile	Ser	Glu	Val	
				380					385					390		
cac	gaa	cac	gat	ggg	cac	ctg	tac	ctg	ggc	tct	ttc	agg	tcc	ccc	ttc	1252
His	Glu	His	Asp	Gly	His	Leu	Tyr	Leu	Gly	Ser	Phe	Arg	Ser	Pro	Phe	
				395				400					405			
ctc	tgc	aga	ctc	agc	ctc	cag	gct	gtt	tagccctccc	agatagctgc	c					1300

Leu	Cys	Arg	Leu	Ser	Leu	Gln	Ala	Val	
	410				415				
cctgccacgc	aggccaggag	tcttcacact	caggcaccag	gcctgggtcca	ggaggagctg				1360
tggacacagt	cgtgggttcaa	gtgtccacat	gcacctgtta	gtccctgaga	ggtggtggga				1420
atggctgctt	cattcctcga	ggatgcccgg	gccccacctg	ggcttgtctt	tctgtttaga				1480
gggaagtgt	acatatctgc	catgaggaac	ataaattcat	gtaaagccat	tttctcttaa				1550
acaaaacaaa	actttctaag	tacagtcatt	ctctaggatt	tgggaagctc	cttgcacttg				1600
gaacagggct	caggtgggtg	gagcagtaag	gcactacca	gagagcttgc	tgctgcggcc				1660
ctgtcctgcg	gcctcaaagt	tcttctttac	tatatataac	gtgcgggtcat	acctttcttc				1720
gttgtggtgg	ggatggaaga	gcagagggag	catggcccag	gggtgttgag	gccagcggtg				1780
agagccgtgt	tagccaagac	atggaactgt	gttctcaagg	gttatgtggg	gcgtgggctc				1840
tccatagtgt	gtatgaaaag	cttgttgact	ctagcggctc	agagaggact	ttgctgggtt				1900
tctttctgtg	aatatctccg	tgctgaccat	gctggaattg	gatgattctg	caattcggga				1960
cctactgcag	gggtccgttt	agtaacgtct	tgtctgtgat	ctttgttctt	gacctctaga				2020
ccccaagatg	tgaacagtgc	acgtgttaat	gtcatctttg	ctcatgtgtt	ataagcccca				2080
agttgctgta	tattttcaca	agtatgtcta	cacactggtc	atgattttga	taataaataa				2140
cgataaatcg									2150

[0 0 6 2]

- <210> 26
- <211> 1986
- <212> DNA
- <213> Homo sapience
- <220>

<221> CDS

<222> (28)...(381)

<400> 26

acacttgctg aactggctcc tggggcc atg agg ctg tca ctg cca ctg ctg 51

Met Arg Leu Ser Leu Pro Leu Leu

1

5

ctg ctg ctg ctg gga gcc tgg gcc atc cca ggg ggc ctc ggg gac agg 99

Leu Leu Leu Leu Gly Ala Trp Ala Ile Pro Gly Gly Leu Gly Asp Arg

10

15

20

gcg cca ctc aca gcc aca gcc cca caa ctg gat gat gag gag atg tac 147

Ala Pro Leu Thr Ala Thr Ala Pro Gln Leu Asp Asp Glu Glu Met Tyr

25

30

35

40

tca gcc cac atg ccc gct cac ctg cgc tgt gat gcc tgc aga gct gtg 195

Ser Ala His Met Pro Ala His Leu Arg Cys Asp Ala Cys Arg Ala Val

45

50

55

gct tac cag gtg agt cct tca cca ctg tca ccc tgc cct gct cac acc 243

Ala Tyr Gln Val Ser Pro Ser Pro Leu Ser Pro Cys Pro Ala His Thr

60

65

70

cct tct caa gcc aga ccc ctc cac cca cct cac att cca cca ccg gcc 291

Pro Ser Gln Ala Arg Pro Leu His Pro Pro His Ile Pro Pro Pro Ala

75

80

85

ttt gat ccc caa tcc cta cca ctg ggc atc aag cca cag atg cag cct 339

Phe Asp Pro Gln Ser Leu Pro Leu Gly Ile Lys Pro Gln Met Gln Pro

90

95

100

ttc ata tat tcc atg cct cag ttt acc cat ctg cct gcc ta 380

Phe Ile Tyr Ser Met Pro Gln Phe Thr His Leu Pro Ala

105

110

115

acagcagaca atctgggaga cctcctcagt attttgagac cccagggaat cactcacttg 440

tccttagact tctccctttc caggcccatc cttgagtcg gactccctcc ccaaccctga 500

cggggcggct ttggctatgt gtacatgggtg caagtgcaca cgtgtgagcg cctgcacgtg	560
agtatgcgtg tgtctggcctt cacacacaca cctgctgagc atgcctgcgt gccagtgtct	620
ctgtgaggtg ggggcctggg agtacttgtg tgattgaata ttgggctcca gtttttctta	680
ccttgctctt gtggttttaa atggcacgtg ccggccgggc gcggtggctc acgcctgtaa	740
tcccagcact ttgggaggct gagcggggcc gatcgccctga actcaggagt tcgagaccag	800
cctggccaac atggtgaaac cccgtcacta ctgaaaatac aaaatttttag ccgggtgtgg	860
<hr/>	
tggcacatac ctgtagtccc agctacctgg gaggctgagg gagaagaatc acttgaacct	920
gggagggtgga ggctgcagtg agctgagatc gtaccactgc actccagcct gggcgacgaa	980
cggcgtgaga ctctctctaa ataaataaat aaataaaaaat agaatgacac ttgccactgg	1040
gcaggtgtgc cctggacgag ggacccaggt gcccaggcct cacctaccac ttcagcattt	1100
ctttcccatc cccaccccc atcccagaga gctttggggg ctgggggagg ggccatgcaa	1160
cagcctcaca ggtgttctt gctcaaacgg ctctcttgcc actttatttt ccccagagac	1220
tctgtctcta tcttccccac ctccccctaa ctgagcagca gtcctgaggc cctgcctccc	1280
agtccctcct tgttccagat gtggcaaaat ctggcaaagg cagagaccaa acttcatacc	1340
tcaaactctg gggggcggcg ggagctgagc gagttggtct acacggatgt cctggaccgg	1400
agctgctccc ggaactggca ggactacgga gttcagaag tggaccaagt gaaacgtctc	1460
acaggcccag gacttagcga ggggccagag ccaagcatca gcgtgatggt cacagggggc	1520
ccctggccta ccaggtgatg cccggggcctt ggggatagga tgaagctcct ggagccttgg	1580
tttgccccac tgtgggctgg gcagcatctg aggctcctgc tgggctcccc taggctctcc	1640
aggacatgtt tgcactactt gggggagttt ggagaagacc agatctatga agcccaccaa	1700
caaggccgag gggctctgga ggcatctgta tgtgggggac cccagggggc ctgctcagag	1760
aagggtgcag ccacaagaga agagctctag tcctggactc taccctcctc tgaaagaagc	1820
tggggcttgc tctgacggtc tccactcccg tctgcaggca gccaggaggg caggaagccc	1880
ttgctctgtg ctgccatcct gcctccctcc tccagcctca gggcactcgg gcctgggtgg	1940
gagtcaacgc ctccccctct ggactcaaataaaaacccagt gacctc	1986

【 0 0 6 3 】

<210> 27

<211> 2170

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (241)...(1215)

<400> 27

ggattccttc ttcccttcc tagctccatg ggactcgccc caagactgtg gcttcaagga 60

ccaccagccc ctactcttc aagccctgac tgtggagtig gtagatgcct ctgacctca 120

gtattctctc tggcaatgtt ccacggcttc tccttcctgg gagctggctc cataacttga 180

ttttcccaa acgtgttgca atccctgctg ccccttagcc acccagggtc ttgtgtgggt 240

atg agt gta gag gat ggg ggt atg cca ggc ctg ggc cgt ccc agg cag 288

Met Ser Val Glu Asp Gly Gly Met Pro Gly Leu Gly Arg Pro Arg Gln

1 5 10 15

gcc cgc tgg acc ctg atg cta ctc cta tcc act gcc atg tac ggt gcc 336

Ala Arg Trp Thr Leu Met Leu Leu Leu Ser Thr Ala Met Tyr Gly Ala

20 25 30

cat gcc cca ttg ctg gca ctg tgc cat gtg gac ggc cga gtg ccc ttc 384

His Ala Pro Leu Leu Ala Leu Cys His Val Asp Gly Arg Val Pro Phe

35 40 45

cgg ccc tcc tca gcc gtg ctg ctg act gag ctg acc aag cta ctg tta 432

Arg Pro Ser Ser Ala Val Leu Leu Thr Glu Leu Thr Lys Leu Leu Leu

50 55 60

tgc gcc ttc tcc ctt ctg gta ggc tgg caa gca tgg ccc cag ggg ccc 480

Cys Ala Phe Ser Leu Leu Val Gly Trp Gln Ala Trp Pro Gln Gly Pro

65 70 75 80

cca ccc tgg cgc cag gct gct ccc ttc gca cta tca gcc ctg ctc tat 528

Pro Pro Trp Arg Gln Ala Ala Pro Phe Ala Leu Ser Ala Leu Leu Tyr

85 90 95

ggc gct aac aac aac ctg gtg atc tat ctt cag cgt tac atg gac ccc 576

Gly Ala Asn Asn Asn Leu Val Ile Tyr Leu Gln Arg Tyr Met Asp Pro

100	105	110	
agc acc tac cag gtg ctg agt aat ctc aag att gga agc aca gct gtg			624
Ser Thr Tyr Gln Val Leu Ser Asn Leu Lys Ile Gly Ser Thr Ala Val			
115	120	125	
ctc tac tgc ctc tgc ctc cgg cac cgc ctc tct gtg cgt cag ggg tta			672
Leu Tyr Cys Leu Cys Leu Arg His Arg Leu Ser Val Arg Gln Gly Leu			
130	135	140	
gcg ctg ctg ctg ctg atg gct gcg gga gcc tgc tat gca gca ggg ggc			720
Ala Leu Leu Leu Leu Met Ala Ala Gly Ala Cys Tyr Ala Ala Gly Gly			
145	150	155	160
ctt caa gtt ccc ggg aac acc ctt ccc agt ccc cct cca gca gct gct			768
Leu Gln Val Pro Gly Asn Thr Leu Pro Ser Pro Pro Pro Ala Ala Ala			
165	170	175	
gcc agc ccc atg ccc ctg cat atc act ccg cta ggc ctg ctg ctc ctc			816
Ala Ser Pro Met Pro Leu His Ile Thr Pro Leu Gly Leu Leu Leu Leu			
180	185	190	
att ctg tac tgc ctc atc tca ggc ttg tcg tca gtg tac aca gag ctg			864
Ile Leu Tyr Cys Leu Ile Ser Gly Leu Ser Ser Val Tyr Thr Glu Leu			
195	200	205	
ctc atg aag cga cag cgg ctg ccc ctg gca ctt cag aac ctc ttc ctc			912
Leu Met Lys Arg Gln Arg Leu Pro Leu Ala Leu Gln Asn Leu Phe Leu			
210	215	220	
tac act ttt ggt gtg ctt ctg aat cta ggt ctg cat gct ggc ggc ggc			960
Tyr Thr Phe Gly Val Leu Leu Asn Leu Gly Leu His Ala Gly Gly Gly			
225	230	235	240
tct ggc cca ggc ctc ctg gaa ggt ttc tca gga tgg gca gca ctc gtg			1008
Ser Gly Pro Gly Leu Leu Glu Gly Phe Ser Gly Trp Ala Ala Leu Val			
245	250	255	
gtg ctg agc cag gca cta aat gga ctg ctc atg tct gct gtc atg aag			1056

Val Leu Ser Gln Ala Leu Asn Gly Leu Leu Met Ser Ala Val Met Lys

260

265

270

cat ggc agc agc atc aca cgc ctc ttt gtg gtg tcc tgc tgc ctg gtg 1104

His Gly Ser Ser Ile Thr Arg Leu Phe Val Val Ser Cys Ser Leu Val

275

280

285

gtc aac gcc gtg ctc tca gca gtc ctg cta cgg ctg cag ctc aca gcc 1152

Val Asn Ala Val Leu Ser Ala Val Leu Leu Arg Leu Gln Leu Thr Ala

290

295

300

gcc ttc ttc ctg gcc aca ttg ctc att ggc ctg gcc atg cgc ctg tac 1200

Ala Phe Phe Leu Ala Thr Leu Leu Ile Gly Leu Ala Met Arg Leu Tyr

305

310

315

320

tat ggc agc cgc tagtcctga caacttcac cctgattccg gaccctgt 1250

Tyr Gly Ser Arg

agattgggcg ccaccaccag atccccctcc caggccttcc tccctctccc atcagcagcc 1310

ctgtaacaag tgccttgtga gaaaagctgg agaagtgagg gcagccaggt tattctctgg 1370

agggtgggtg atgaaggggt acccctagga gatgtgaagt gtgggtttgg ttaaggaaat 1430

gcttaccatc cccaccccc aaccaagttc ttccagacta aagaattaag gtaacatcaa 1490

tacctaggcc tgagaaataa ccccatcctt gttgggcagc tccctgcttt gtccctgatg 1550

aacagagttg atgaaagtgg ggtgtgggca acaagtggct ttccttgcct actttagtca 1610

cccagcagag ccactggagc tggctagtcc agcccagcca tggctgatga ctcttcata 1670

agggatcctc acccttccac tticcatgcaa gaaggcccag ttgccacaga ttatacaacc 1730

attacccaaa ccactctgac agtctcctcc agttccagca atgcctagag acatgctccc 1790

tgccctctcc acagtgtgctg tccccacacc tagcctttgt tctggaaacc ccagagaggg 1850

ctgggcttga ctcatctcag ggaatgtagc ccctgggccc tggcttaagc cgacactcct 1910

gacctctctg ttacacctga gggctgtctt gaagcccgt acccactctg aggctcctag 1970

gaggtacat gcttcccact ctggggcctg cccctgccta gcagtctccc agctcccaac 2030

agcctgggga agctctgcac agagtgcct gagaccaggt acaggaaacc tgtagctcaa 2090

tcagtgtctc tttaactgca taagcaataa gatcttaata aagtcttcta ggctgtaggg 2150

tggttcctac aaccacagcc

2170

【 0 0 6 4 】

<210> 28

<211> 1738

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (95)...(508)

<400> 28

aaaaagggga ggaaattgaa actgagtggc ccacgatggg aagaggggaa agcccagggg 60

tacaggaggc ctctgggtga aggcagaggc taac atg ggg ttc gga gcg acc 112

Met Gly Phe Gly Ala Thr

1

5

ttg gcc gtt ggc ctg acc atc ttt gtg ctg tct gtc gtc act atc atc 160

Leu Ala Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu Ser Val Val Thr Ile Ile

10

15

20

atc tgc ttc acc tgc tcc tgc tgc tgc ctt tac aag acg tgc cgc cga 208

Ile Cys Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu Tyr Lys Thr Cys Arg Arg

25

30

35

cca cgt ccg gtt gtc acc acc acc aca tcc acc act gtg gtg cat gcc 256

Pro Arg Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Val Val His Ala

40

45

50

cct tat cct cag cct cca agt gtg ccg ccc agc tac cct gga cca agc 304

Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Pro Ser

55

60

65

70

tac cag ggc tac cac acc atg ccg cct cag cca ggg atg cca gca gca 352

Tyr Gln Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln Pro Gly Met Pro Ala Ala

75

80

85

ccc tac cca atg cag tac cca cca cct tac cca gcc cag ccc atg ggc 400
Pro Tyr Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr Pro Ala Gln Pro Met Gly

90

95

100

cca ccg gcc tac cac gag acc ctg gct gga gga gca gcc gcg ccc tac 448
Pro Pro Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly Gly Ala Ala Ala Pro Tyr

105

110

115

ccc gcc agc cag cct cct tac aac ccg gcc tac atg gat gcc ccg aag 496
Pro Ala Ser Gln Pro Pro Tyr Asn Pro Ala Tyr Met Asp Ala Pro Lys

120

125

130

gcg gcc ctc tgagcattcc ctggcctctc tggctgccac ttggttatgt tgtgt 550
Ala Ala Leu

135

gtgtgcgtga gtggtgtgca ggCgcggttc cttacgcccc atgtgtgctg tgtgtgtcca 610

ggcacggttc cttacgcccc atgtgtgctg tgtgtgtcct gcctgtatat gtggcttcct 670

ctgatgctga caaggtgggg aacaatcctt gccagagtgg gctgggacca gactttgttc 730

tcttctcac ctgaaattat gcttcctaaa atctcaagcc aaactcaaag aatgggggtgg 790

tggggggcac cctgtgaggt ggccccctgag aggtgggggc ctctccaggg cacatctgga 850

gttcttctcc agcttaccct agggtagacca agtagggcct gtcacaccag ggtggcgcag 910

ctttctgtgt gatgcagatg tgtcctgggt tcggcagcgt agccagctgc tgcttgaggc 970

catggctcgt ccccgaggtt gggggtaccc gttgcagagc cagggacatg atgcaggcga 1030

agcttgggat ctggccaagt tggactttga tcctttgggc agatgtccca ttgtccctg 1090

gagcctgtca tgccgtgttg ggatcaggca gcctcctgat gccagaacac ctcaggcaga 1150

gccctactca gctgtacctg tctgcctgga ctgtccccctg tccccgcac tccccctggga 1210

ccagctggag ggccacatgc acacacagcc tagctgcccc caggagctc tgctgccctt 1270

gctggccccctg cccctccac aggtgagcag ggctcctgtc caccagcaca ctcagttctc 1330

ttccctgcag tgttttcatt ttattttagc caaacatttt gcctgttttc tgtttcaaac 1390

atgatagttg atatgagact gaaaccctg ggttgtggag ggaaattggc tcagagatgg 1450

acaacctggc aactgtgagt cctgtctcc cgacaccagc ctcattggaat atgcaacaac 1510

tcctgtaccc cagtcacagg tgttctggca gcaggagacac ctgggccaat gggccatctg 1570

gaccaaaggt ggggtgtggg gccctggatg gcagctctgg cccagacatg aataacctcgt 1630
gttccctcctc cctctattac tgtttcacca gagctgtctt agctcaaatac tgttgtgttt 1690
ctgagictag ggtctgtaca ctgttttata ataaatgcaa tcgttttg 1738

[0 0 6 5]

<210> 29

<211> 1930

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (82)...(1017)

<400> 29

agtcgcggga ggcttccccg cgccggccgc gtcccgcccg ctccccggca ccagaagctc 60
ctctgcgcgt ccgacggcga c atg ggc gtc ccc acg gcc ctg gag gcc ggc 111
Met Gly Val Pro Thr Ala Leu Glu Ala Gly
1 5 10
agc tgg cgc tgg gga tcc ctg ctc ttc gct ctc ttc ctg gct gcg tcc 159
Ser Trp Arg Trp Gly Ser Leu Leu Phe Ala Leu Phe Leu Ala Ala Ser
15 20 25
cta ggt ccg gtg gca gcc ttc aag gtc gcc acg ccg tat tcc ctg tat 207
Leu Gly Pro Val Ala Ala Phe Lys Val Ala Thr Pro Tyr Ser Leu Tyr
30 35 40
gtc tgt ccc gag ggg cag aac gtc acc ctc acc tgc agg ctc ttg ggc 255
Val Cys Pro Glu Gly Gln Asn Val Thr Leu Thr Cys Arg Leu Leu Gly
45 50 55
cct gtg gac aaa ggg cac gat gtg acc ttc tac aag acg tgg tac cgc 303
Pro Val Asp Lys Gly His Asp Val Thr Phe Tyr Lys Thr Trp Tyr Arg
60 65 70
agc tcg agg ggc gag gtg cag acc tgc tca gag cgc cgg ccc atc cgc 351

Ser	Ser	Arg	Gly	Glu	Val	Gln	Thr	Cys	Ser	Glu	Arg	Arg	Pro	Ile	Arg		
75					80					85				90			
aac	ctc	acg	ttc	cag	gac	ctt	cac	ctg	cac	cat	gga	ggc	cac	cag	gct	399	
Asn	Leu	Thr	Phe	Gln	Asp	Leu	His	Leu	His	His	Gly	Gly	His	Gln	Ala		
				95					100					105			
gcc	aac	acc	agc	cac	gac	ctg	gct	cag	cgc	cac	ggg	ctg	gag	tcg	gcc	447	
Ala	Asn	Thr	Ser	His	Asp	Leu	Ala	Gln	Arg	His	Gly	Leu	Glu	Ser	Ala		
			110					115					120				
tcc	gac	cac	cat	ggc	aac	ttc	tcc	atc	acc	atg	cgc	aac	ctg	acc	ctg	495	
Ser	Asp	His	His	Gly	Asn	Phe	Ser	Ile	Thr	Met	Arg	Asn	Leu	Thr	Leu		
		125					130					135					
ctg	gat	agc	ggc	ctc	tac	tgc	tgc	ctg	gtg	gtg	gag	atc	agg	cac	cac	543	
Leu	Asp	Ser	Gly	Leu	Tyr	Cys	Cys	Leu	Val	Val	Glu	Ile	Arg	His	His		
	140					145				150							
cac	tcg	gag	cac	agg	gtc	cat	ggt	gcc	atg	gaa	ctg	cag	gtg	cag	aca	591	
His	Ser	Glu	His	Arg	Val	His	Gly	Ala	Met	Glu	Leu	Gln	Val	Gln	Thr		
155				160					165					170			
ggc	aaa	gat	gca	cca	tcc	aac	tgt	gtg	gtg	tac	cca	tcc	tcc	tcc	cag	639	
Gly	Lys	Asp	Ala	Pro	Ser	Asn	Cys	Val	Val	Tyr	Pro	Ser	Ser	Ser	Gln		
			175						180				185				
gag	agt	gaa	aac	atc	acg	gct	gca	gcc	ctg	gct	acg	ggt	gcc	tgc	atc	687	
Glu	Ser	Glu	Asn	Ile	Thr	Ala	Ala	Ala	Leu	Ala	Thr	Gly	Ala	Cys	Ile		
			190					195					200				
gta	gga	atc	ctc	tgc	ctc	ccc	ctc	atc	ctg	ctc	ctg	gtc	tac	aag	caa	735	
Val	Gly	Ile	Leu	Cys	Leu	Pro	Leu	Ile	Leu	Leu	Leu	Val	Tyr	Lys	Gln		
		205						210				215					
agg	cag	gca	gcc	tcc	aac	cgc	cgt	gcc	cag	gag	ctg	gtg	cgg	atg	gac	783	
Arg	Gln	Ala	Ala	Ser	Asn	Arg	Arg	Ala	Gln	Glu	Leu	Val	Arg	Met	Asp		
	220					225					230						

agc aac att caa ggg att gaa aac ccc ggc ttt gaa gcc tca cca cct 831

Ser Asn Ile Gln Gly Ile Glu Asn Pro Gly Phe Glu Ala Ser Pro Pro

235 240 245 250

gcc cag ggg ata ccc gag gcc aaa gtc agg cac ccc ctg tcc tat gtg 879

Ala Gln Gly Ile Pro Glu Ala Lys Val Arg His Pro Leu Ser Tyr Val

255 260 265

gcc cag cgg cag cct tct gag tct ggg cgg cat ctg ctt tcg gag ccc 927

Ala Gln Arg Gln Pro Ser Glu Ser Gly Arg His Leu Leu Ser Glu Pro

270 275 280

agc acc ccc ctg tct cct cca ggc ccc gga gac gtc ttc ttc cca tcc 975

Ser Thr Pro Leu Ser Pro Pro Gly Pro Gly Asp Val Phe Phe Pro Ser

285 290 295

ctg gac cct gtc cct gac tct cca aac ttt gag gtc atc tagccc 1020

Leu Asp Pro Val Pro Asp Ser Pro Asn Phe Glu Val Ile

300 305 310

agctggggga cagtgggctg ttgtggctgg gtctggggca ggtgcatttg agccagggct 1080

ggctctgtga gtggcctctc cctcctgctc tgggctcaga tactgtgaca tcccagaagc 1140

ccagccctc aaccctctg gatgctacat ggggatgctg gacggctcag cccctgttcc 1200

aaggattttg ggggtctgag attctccct agagacctga aattcaccag ctacagatgc 1260

caaatgactt acatcttaag aagtctcaga acgtccagcc cttcagcagc tctcgttctg 1320

agacatgagc cttgggatgt ggcagcatca gtgggacaag atggacactg ggccaccctc 1380

ccaggcacca gacacagggc acggtggaga gacttctccc ccgtggccgc cttggctccc 1440

ccgttttgcc cgaggctgct cttctgtcag acttctctt tgtaccacag tggctctggg 1500

gccaggcctg cctgcccact ggccatcgcc accttccca gctgcctcct accagcagtt 1560

tctctgaaga tctgtcaaca ggttaagtca atctggggct tccactgcct gcattccagt 1620

ccccagagct tgggtgtccc gaaacgggaa gtacatattg gggcatggtg gcctccgtga 1680

gcaaatggtg tcttgggcaa tctgaggcca ggacagatgt tgccccaccc actggagatg 1740

gtgctgaggg aggtgggtgg ggccttctgg gaaggtgagt ggagaggggc acctgcccc 1800

cgccctcccc atccctact cccactgctc agcgcgggcc attgcaaggg tgccacacaa 1860

tgctctgtcc accctgggac acttctgagt atgaagcggg atgctattaa aaactacatg 1920
gggaaacagg 1930

【 0 0 6 6 】

<210> 30

<211> 1892

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (5)...(1636)

<400> 30

agag atg gca gtg agc gag agg agg ggg ctc ggc cgc ggg agc ccc gcg 49

Met Ala Val Ser Glu Arg Arg Gly Leu Gly Arg Gly Ser Pro Ala

1 5 10 15

gag tgg ggg cag cgg cta ctt ctg gtg ctg ctg ttg ggt ggc tgc tcc 97

Glu Trp Gly Gln Arg Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Gly Gly Cys Ser

20 25 30

ggg cgc atc cac cgg ctg gcg ctg acg ggg gag aag cga gcg gac atc 145

Gly Arg Ile His Arg Leu Ala Leu Thr Gly Glu Lys Arg Ala Asp Ile

35 40 45

cag ctg aac agc ttc ggt ttc tac acc aat ggc tct ctg gag gtg gag 193

Gln Leu Asn Ser Phe Gly Phe Tyr Thr Asn Gly Ser Leu Glu Val Glu

50 55 60

ttg agc gtc ctg cgg ctg ggc ctc cgg gag gca gaa gag aag tcc ctg 241

Leu Ser Val Leu Arg Leu Gly Leu Arg Glu Ala Glu Glu Lys Ser Leu

65 70 75

ctg gtg ggg ttc agt ctc agc cgg gtt cgg tct ggc aga gtt cgc tcc 289

Leu Val Gly Phe Ser Leu Ser Arg Val Arg Ser Gly Arg Val Arg Ser

80 85 90 95

tat tca acc cgg gat ttc cag gac tgc cct ctc cag aaa aac agt agc	337
Tyr Ser Thr Arg Asp Phe Gln Asp Cys Pro Leu Gln Lys Asn Ser Ser	
100 105 110	
agt ttc ctg gtc ctg ttc ctc atc aac acc aag gat ctg cag gtc cag	385
Ser Phe Leu Val Leu Phe Leu Ile Asn Thr Lys Asp Leu Gln Val Gln	
115 120 125	
gtg cgg aag tat gga gag cag aag acg ttg ttt atc ttt ccc ggg ctc	433
Val Arg Lys Tyr Gly Glu Gln Lys Thr Leu Phe Ile Phe Pro Gly Leu	
130 135 140	
ctc ccg gaa gca ccc tcc aaa cca ggg ctc ccg aag cca cag gcc aca	481
Leu Pro Glu Ala Pro Ser Lys Pro Gly Leu Pro Lys Pro Gln Ala Thr	
145 150 155	
gtc ccc cgc aag gtg gat ggc gga ggg acc tct gca gcc agc aag ccc	529
Val Pro Arg Lys Val Asp Gly Gly Gly Thr Ser Ala Ala Ser Lys Pro	
160 165 170 175	
aag tca aca ccc gca gtg att cag ggt cct agt ggg aag gac aag gac	577
Lys Ser Thr Pro Ala Val Ile Gln Gly Pro Ser Gly Lys Asp Lys Asp	
180 185 190	
ctg gtg ttg ggc ctg agc cac ctc aac aac tcc tac aac ttc agt ttc	625
Leu Val Leu Gly Leu Ser His Leu Asn Asn Ser Tyr Asn Phe Ser Phe	
195 200 205	
cac gtg gtg atc ggc tct cag gcg gaa gaa ggc cag tac agc ctg aac	673
His Val Val Ile Gly Ser Gln Ala Glu Glu Gly Gln Tyr Ser Leu Asn	
210 215 220	
ttc cac aac tgc aac aat tca gtg cca gga aag gag cat cca ttc gac	721
Phe His Asn Cys Asn Asn Ser Val Pro Gly Lys Glu His Pro Phe Asp	
225 230 235	
atc acg gtg atg atc cgg gag aag aac ccc gat ggc ttc ctg tcg gca	769
Ile Thr Val Met Ile Arg Glu Lys Asn Pro Asp Gly Phe Leu Ser Ala	

240	245	250	255	
gcg gag atg ccc ctt ttc aag ctc tac atg gtc atg tcc gcc tgc ttc				817
Ala Glu Met Pro Leu Phe Lys Leu Tyr Met Val Met Ser Ala Cys Phe				
260	265	270		
ctg gcc gct ggc atc ttc tgg gtg tcc atc ctc tgc agg aac acg tac				865
Leu Ala Ala Gly Ile Phe Trp Val Ser Ile Leu Cys Arg Asn Thr Tyr				
275	280	285		
agc gtc ttc aag atc cac tgg ctc atg gcg gcc ttg gcc ttc acc aag				913
Ser Val Phe Lys Ile His Trp Leu Met Ala Ala Leu Ala Phe Thr Lys				
290	295	300		
agc atc tct ctc ctc ttc cac agc atc aac tac tac ttc atc aac agc				961
Ser Ile Ser Leu Leu Phe His Ser Ile Asn Tyr Tyr Phe Ile Asn Ser				
305	310	315		
cag ggc cac ccc atc gaa ggc ctt gcc gtc atg tac tac atc gca cac				1009
Gln Gly His Pro Ile Glu Gly Leu Ala Val Met Tyr Tyr Ile Ala His				
320	325	330	335	
ctg ctg aag ggc gcc ctc ctc ttc atc acc atc gcc ctg att ggc tca				1057
Leu Leu Lys Gly Ala Leu Leu Phe Ile Thr Ile Ala Leu Ile Gly Ser				
340	345	350		
ggc tgg gcc ttc atc aag tac gtc ctg tcg gat aag gag aag aag gtc				1105
Gly Trp Ala Phe Ile Lys Tyr Val Leu Ser Asp Lys Glu Lys Lys Val				
355	360	365		
ttt ggg atc gtg atc ccc atg cag gtc ctg gcc aac gtg gcc tac atc				1153
Phe Gly Ile Val Ile Pro Met Gln Val Leu Ala Asn Val Ala Tyr Ile				
370	375	380		
atc atc gag tcc cgc gag gaa ggc gcc agc gac tac gtg ctg tgg aag				1201
Ile Ile Glu Ser Arg Glu Glu Gly Ala Ser Asp Tyr Val Leu Trp Lys				
385	390	395		
gag att ttg ttc ctg gtg gac ctc atc tgc tgt ggt gcc atc ctg ttc				1249

Glu Ile Leu Phe Leu Val Asp Leu Ile Cys Cys Gly Ala Ile Leu Phe	
400	405
410	415
ccc gta gtc tgg tcc atc cgg cat ctc cag gat gcg tct ggc aca gac	1297
Pro Val Val Trp Ser Ile Arg His Leu Gln Asp Ala Ser Gly Thr Asp	
420	425
430	
ggg aag gtg gca gtg aac ctg gcc aag ctg aag ctg ttc cgg cat tac	1345
Gly Lys Val Ala Val Asn Leu Ala Lys Leu Lys Leu Phe Arg His Tyr	
435	440
445	
tat gtc atg gtc atc tgc tac gtc tac ttc acc cgc atc atc gcc atc	1393
Tyr Val Met Val Ile Cys Tyr Val Tyr Phe Thr Arg Ile Ile Ala Ile	
450	455
460	
ctg ctg cag gtg gct gtg ccc ttt cag tgg cag tgg ctg tac cag ctc	1441
Leu Leu Gln Val Ala Val Pro Phe Gln Trp Gln Trp Leu Tyr Gln Leu	
465	470
475	
ttg gtg gag ggc tcc acc ctg gcc ttc ttc gtg ctc acg ggc tac aag	1489
Leu Val Glu Gly Ser Thr Leu Ala Phe Phe Val Leu Thr Gly Tyr Lys	
480	485
490	495
ttc cag ccc aca ggg aac aac ccg tac ctg cag ctg ccc cag gag gac	1537
Phe Gln Pro Thr Gly Asn Asn Pro Tyr Leu Gln Leu Pro Gln Glu Asp	
500	505
510	
gag gag gat gtt cag atg gag caa gta atg acg gac tct ggg ttc cgg	1585
Glu Glu Asp Val Gln Met Glu Gln Val Met Thr Asp Ser Gly Phe Arg	
515	520
525	
gaa ggc ctc tcc aaa gtc aac aaa aca gcc agc ggg cgg gaa ctg tta	1633
Glu Gly Leu Ser Lys Val Asn Lys Thr Ala Ser Gly Arg Glu Leu Leu	
530	535
540	
tgatcac ctccacatct cagaccaaag ggctgctctc ccccagcatt tctcactcct	1690
gcccttcttc cacagcgtat gtggggagggt ggaggggggtc catgtggacc aggcgcccag	1750
ctccccgggaccccggttcc cggacaagcc catttgggaag aagagtcctt tctcccccc	1810

aaatatggg cagccctgtc cttaccccg gaccacccct cccttccagc tatgtgtaca 1870
ataatgacca atctgtttgg ct 1892

【図面の簡単な説明】

【図1】 クローンHP03394がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図2】 クローンHP03395がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図3】 クローンHP10685がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図4】 クローンHP10686がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図5】 クローンHP10689がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図6】 クローンHP10690がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図7】 クローンHP10694がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図8】 クローンHP10696がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

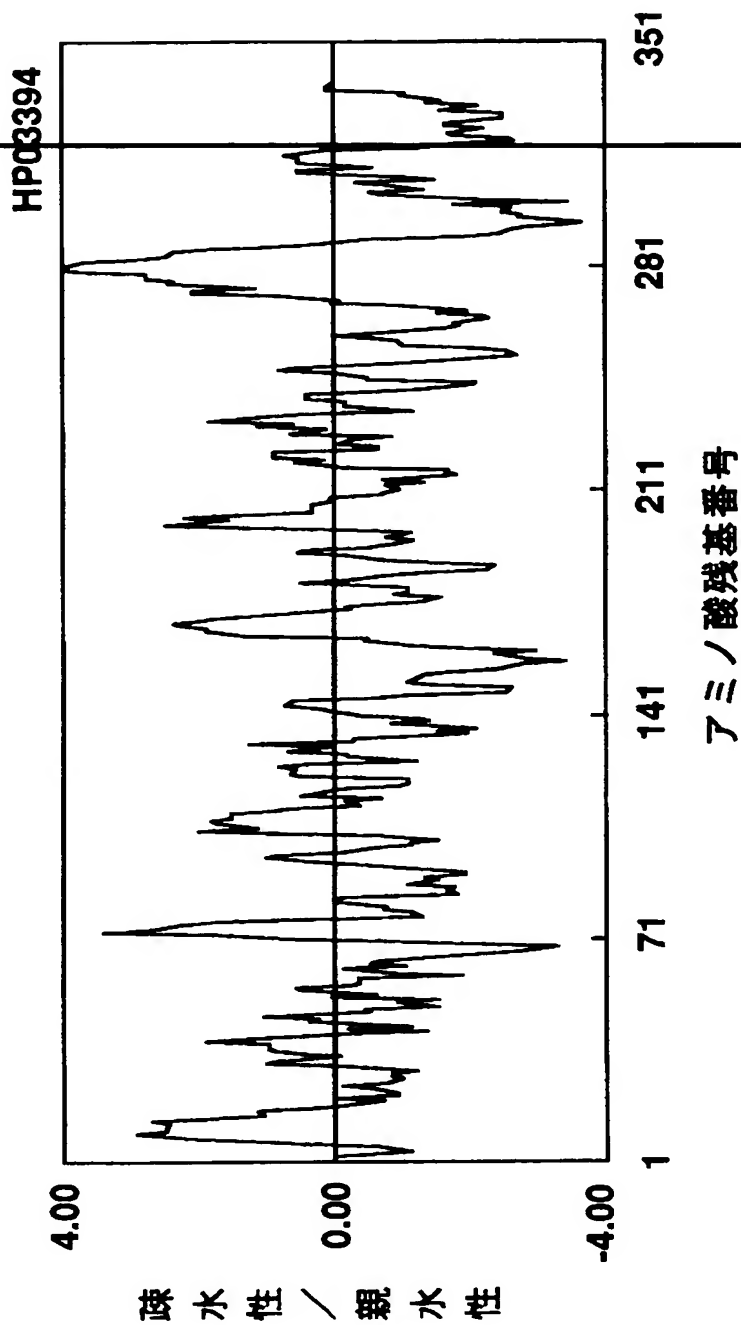
【図9】 クローンHP10697がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図10】 クローンHP10699がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

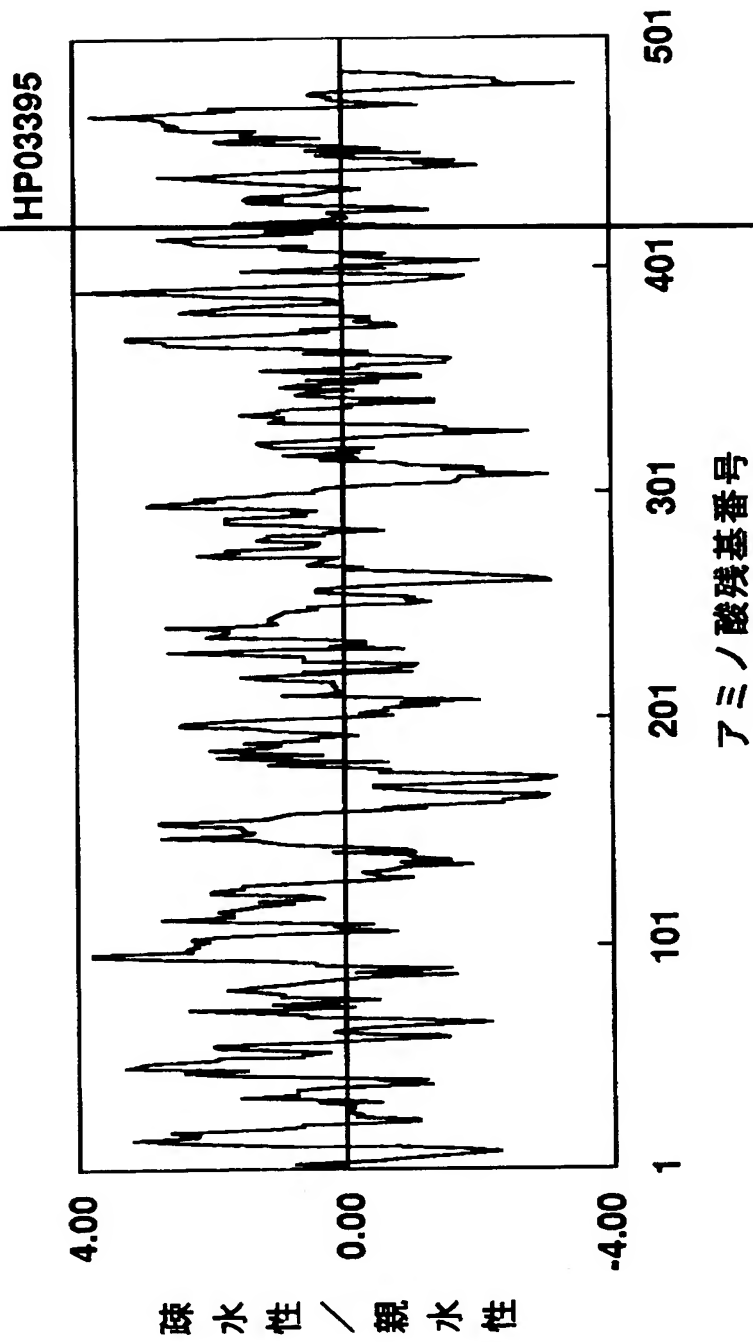
【書類名】

図面

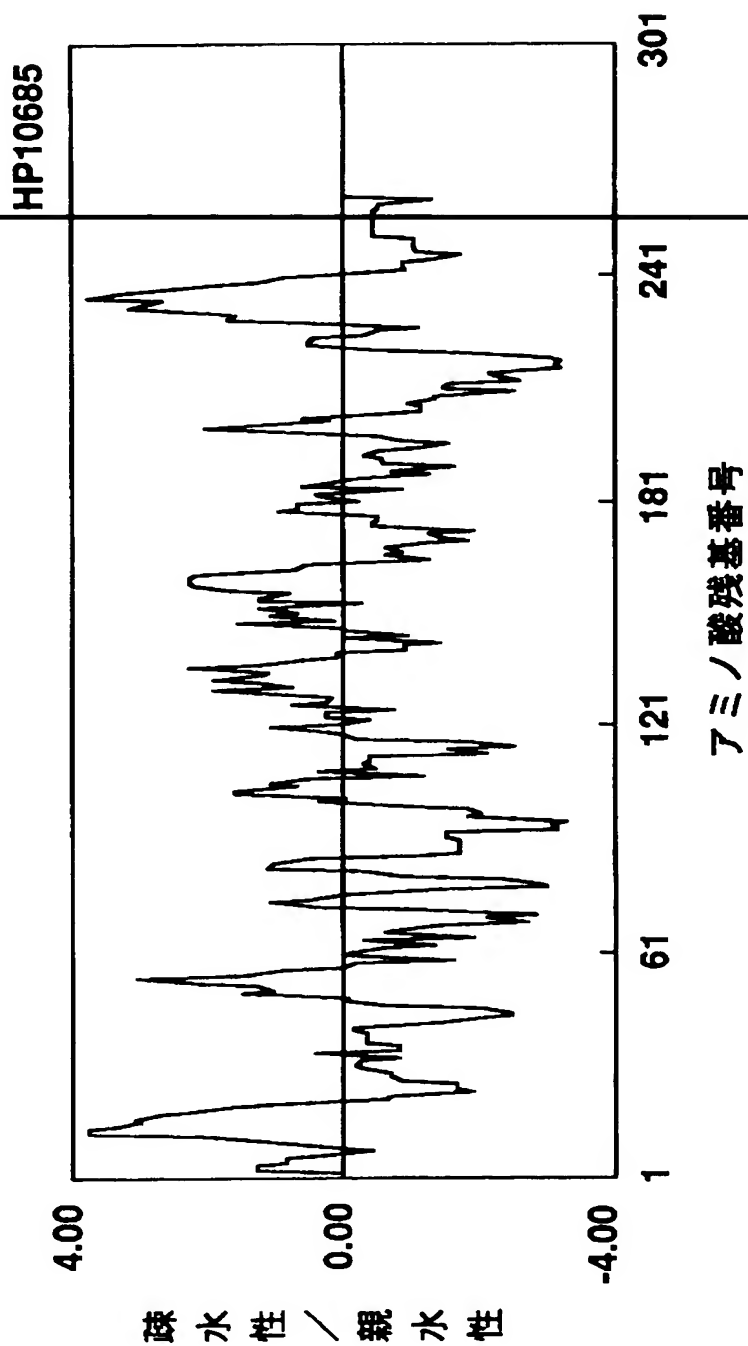
【図 1】



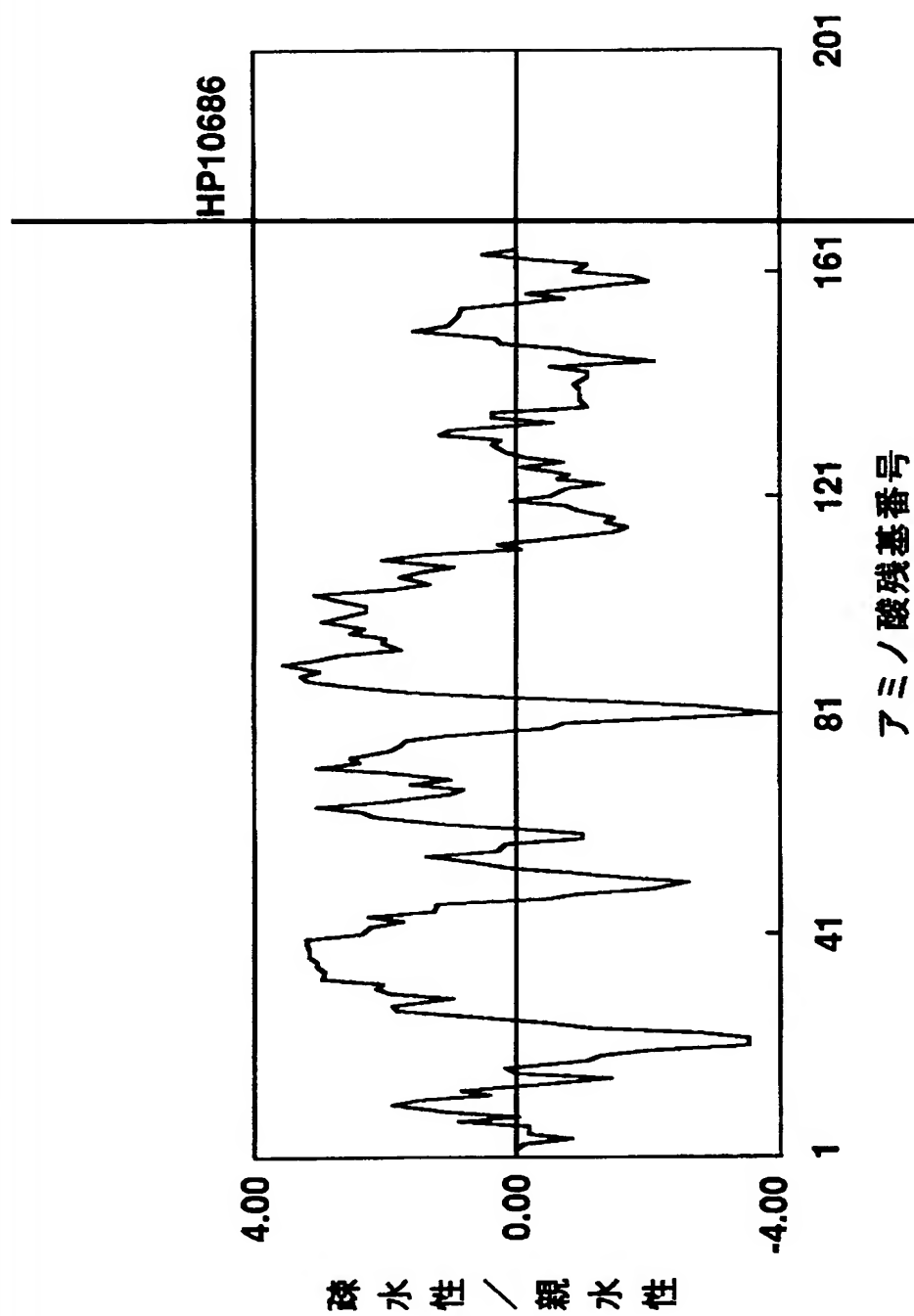
【図 2】



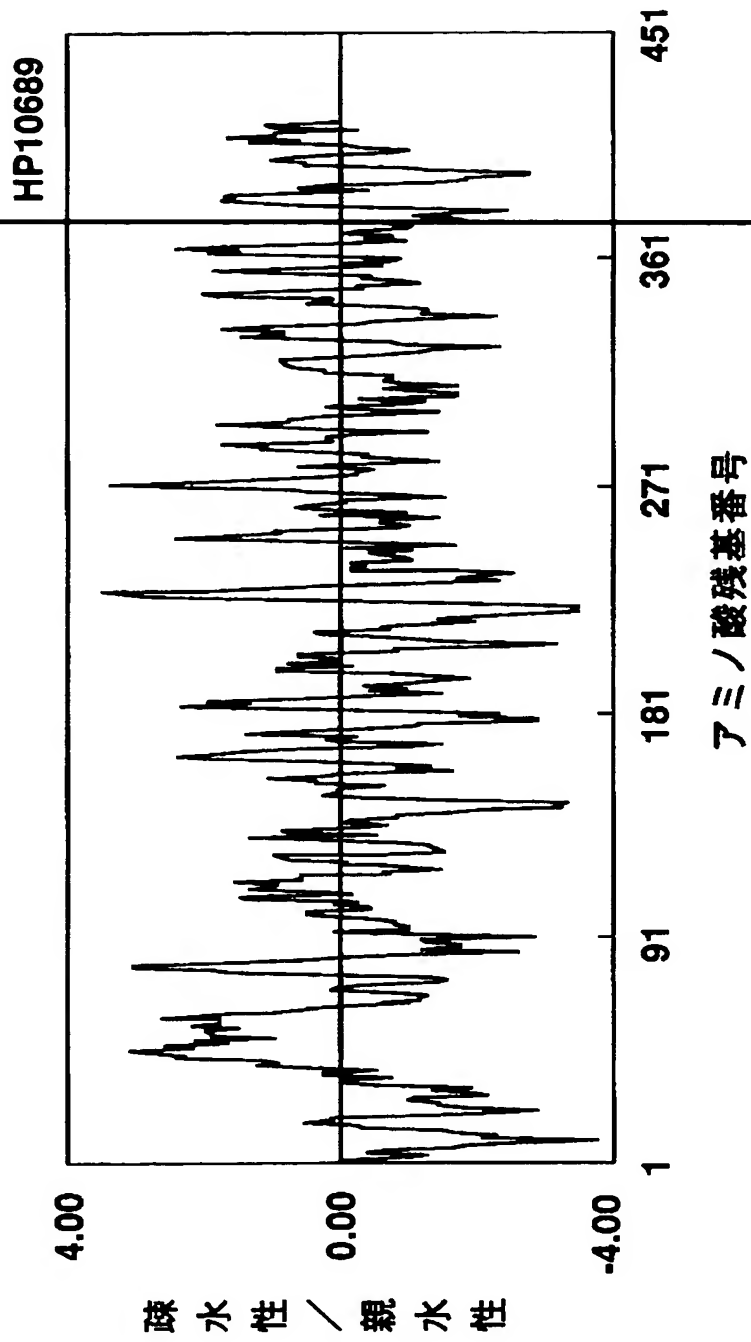
【図 3】



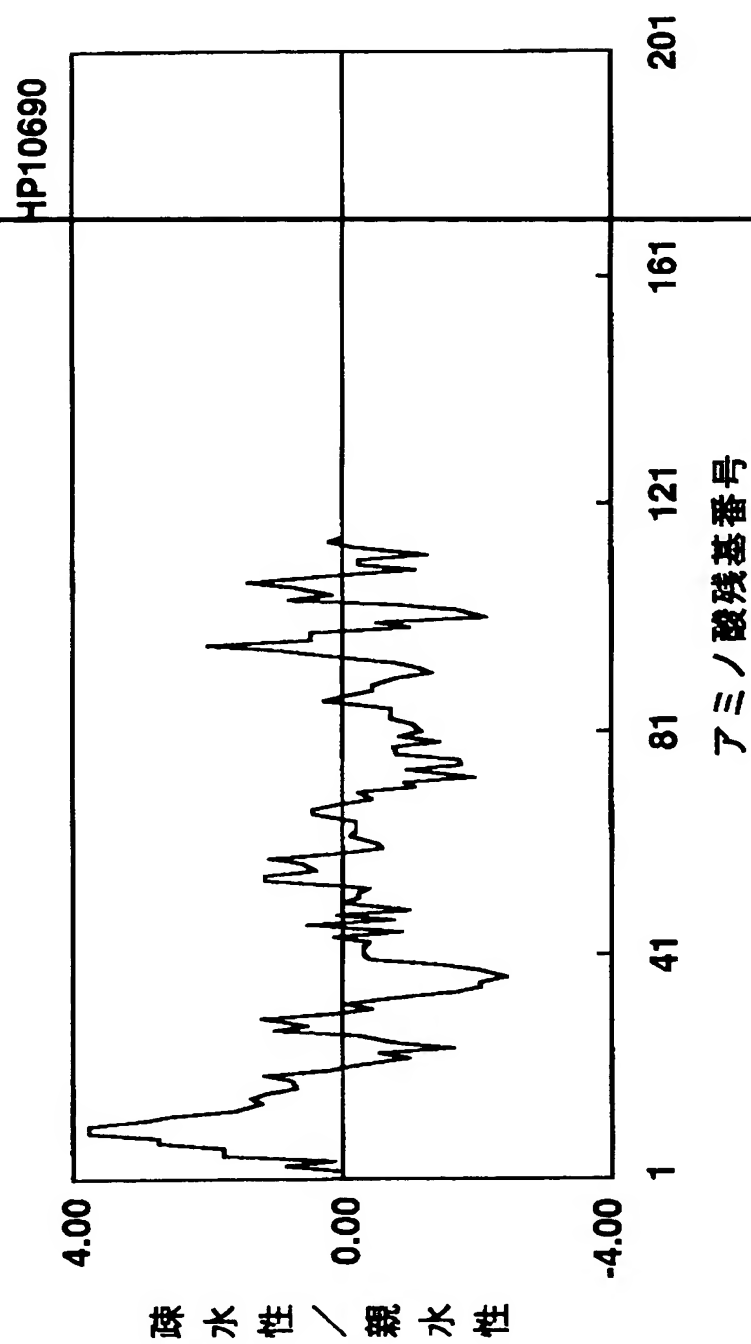
【図 4】



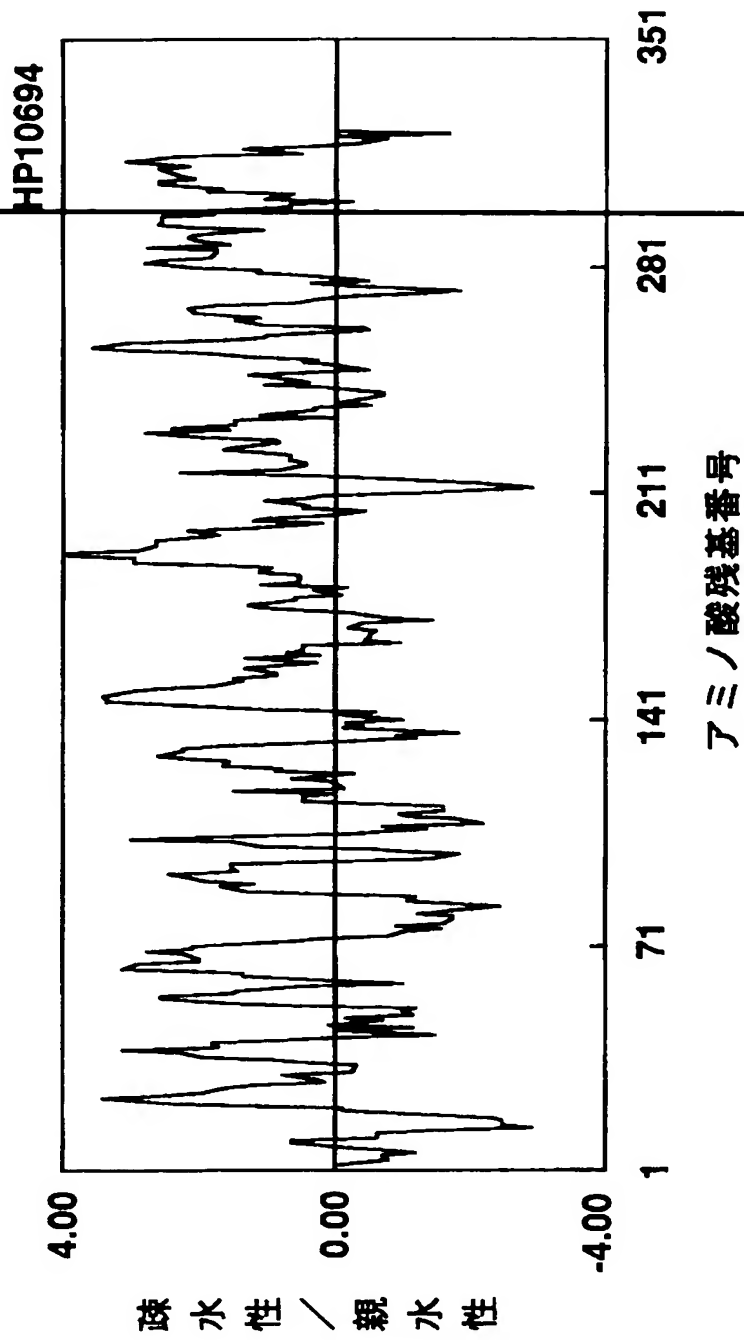
【図 5】



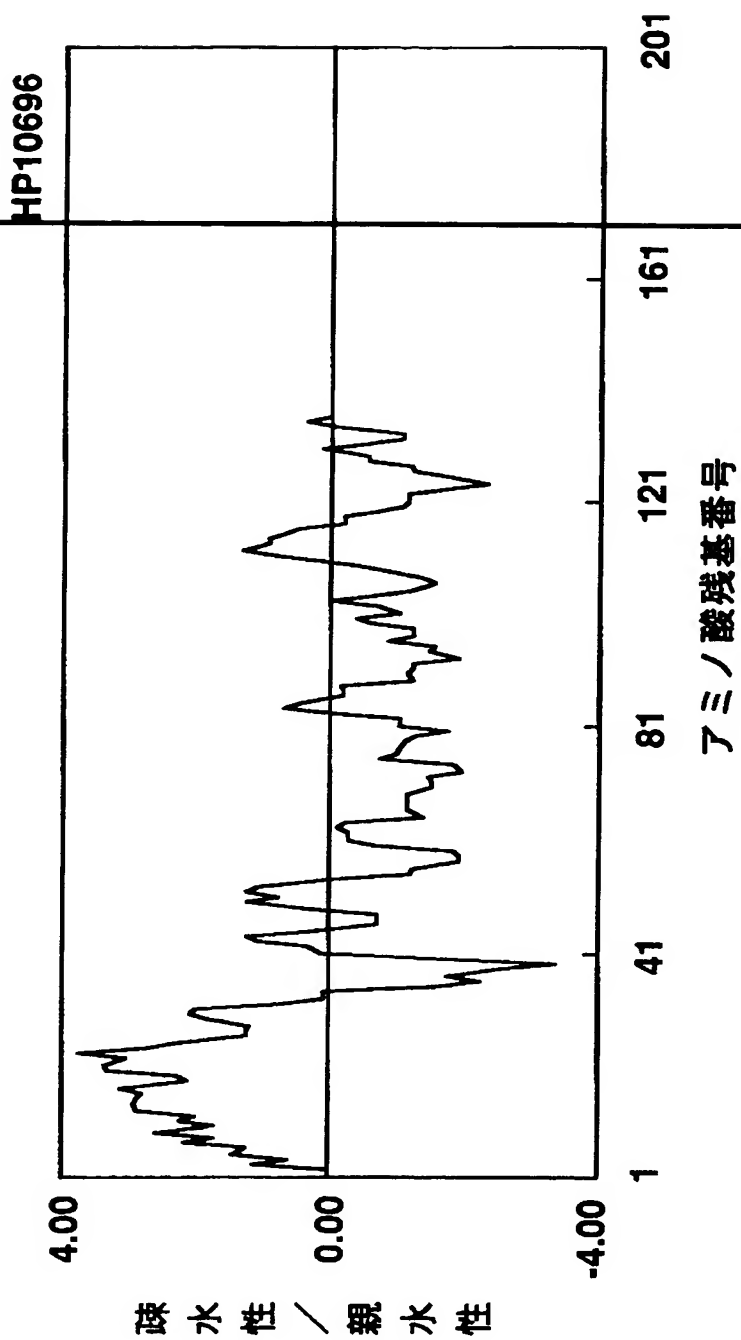
【図6】



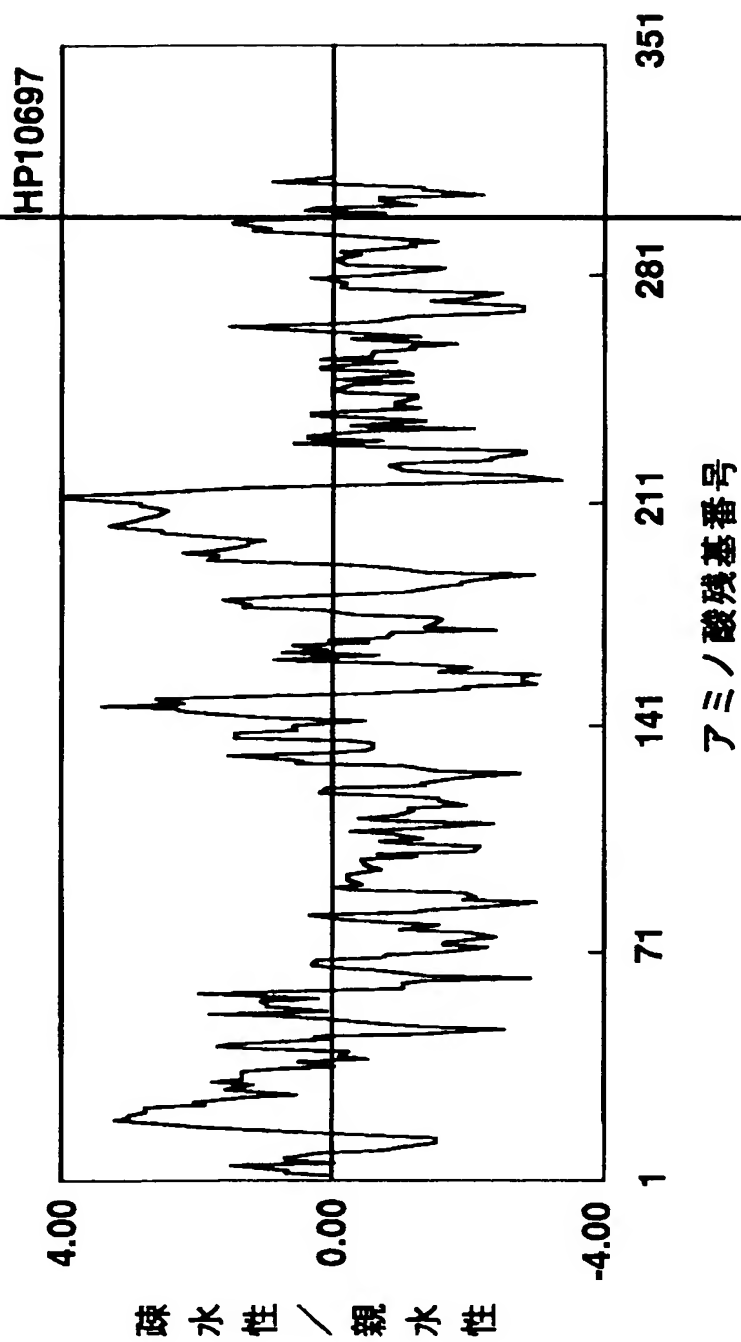
【図 7】



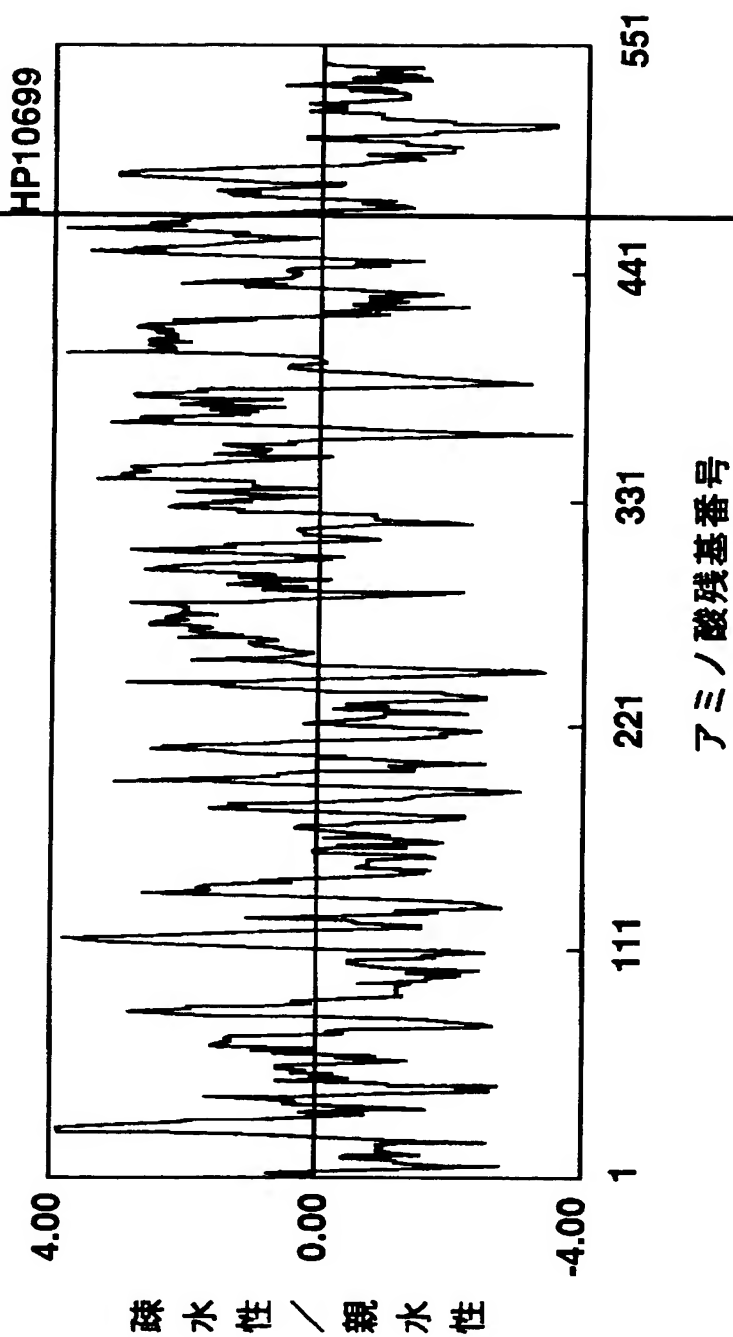
【図 8】



【図 9】



【図 10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている cDNA、この cDNA の発現ベクター、この cDNA を発現させた真核細胞、およびこの蛋白質に対する抗体を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列を含む cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA の組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

認定・付加情報

特許出願の番号	平成 11 年 特許願 第 194359 号
受付番号	59900656612
書類名	特許願
担当官	濱谷 よし子 1614
作成日	平成 11 年 8 月 24 日

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼 4 丁目 4 番 1 号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】	
【識別番号】	596134998
【住所又は居所】	東京都目黒区中町 2 丁目 20 番 3 号
【氏名又は名称】	株式会社プロテジーン

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[000173762]

1. 変更年月日	1995年 4月14日
[変更理由]	住所変更
住 所	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
氏 名	財団法人相模中央化学研究所

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日	1996年 9月13日
[変更理由]	新規登録
住 所	東京都目黒区中町2丁目20番3号
氏 名	株式会社プロテジーン

